



W 31.06.90 10 ✓

SCHWEIZERISCHE EidGENOSSENSCHAFT CONFÉDÉRATION SUISSE CONFEDERAZIONE SVIZZERA

### Bescheinigung

### Attestation

### Attestazione

Die beiliegenden Akten stimmen überein mit den ursprünglichen technischen Unterlagen des auf der nächsten Seite bezeichneten Patentgesuches für die Schweiz und Liechtenstein.

Les documents ci-joints sont conformes aux pièces techniques originales de la demande de brevet pour la Suisse et le Liechtenstein \* spécifiée à la page suivante.

Gli uniti documenti sono conformi agli atti tecnici originali della domanda di brevetto per la Svizzera e il Liechtenstein \* specificata nella pagina seguente.

Bern, 15. Juni 1990



Bundesamt für geistiges Eigentum  
Office fédéral de la propriété intellectuelle  
Ufficio federale della proprietà intellettuale

Der Sektionschef / Le chef de section / Il capo di sezione

Grünig

- \* Die Schweiz und das Fürstentum Liechtenstein bilden ein einheitliches Schutzgebiet. Der Schutz kann deshalb nur für beide Länder gemeinsam beantragt werden.
- \* La Suisse et la Principauté de Liechtenstein constituent un territoire unitaire de protection. La protection ne peut donc être revendiquée que pour l'ensemble des deux Etats.
- \* La Svizzera e il Principato di Liechtenstein formano un unico territorio di protezione. La protezione può dunque essere rivendicata solamente per l'insieme dei due Stati.

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**

M 31.08.90

V  
Voraussichtliche Klasse(n): C07K/A61K/C07H/C12N Patentgesuch Nr. 01 347/90-6

Patent- F. Hoffmann-La Roche AG  
bewerber: Grenzacherstrasse 124  
4002 Basel  
Postfach  
Schweiz

Titel: TNF-bindende Proteine.

Datum der  
Anmeldung: 20.04.90 V

Priorität: -

Referenz: RAN 4105/125-002

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**

M 31.08.90

F.HOFFMANN-LA ROCHE AG, Basel/Schweiz

RAN 4105/125-002

5

10

TNF-bindende Proteine

15        Tumor Nekrosis Faktor  $\alpha$  (TNF $\alpha$ , auch Cachectin), auf Grund seiner haemorragisch-nekrotisierenden Wirkung auf bestimmte Tumoren entdeckt, und Lymphotoxin (TNF $\beta$ ) sind zwei nahe verwandte Peptidfaktoren [3] aus der Klasse der Lymphokine/Cytokine, die im folgenden beide als TNF bezeichnet werden [siehe Uebersichtsarbeiten 2 und 3]. TNF verfügt über ein breites zelluläres Wirkungsspektrum. Beispielsweise besitzt TNF inhibierende oder cytotoxische Wirkung auf eine Reihe von Tumorzelllinien [2,3], stimuliert die Proliferation von Fibroblasten und die phagozytierende/cytotoxische Aktivität von myeloischen Zellen [4,5,6], induziert Adhäsionsmoleküle in Endothelzellen oder übt eine inhibierende Wirkung auf Endothel aus [7,8,9,10], inhibiert die Synthese von spezifischen Enzymen in Adipozyten [11] und induziert die Expression von Histokompatibilitätsantigenen [12]. Manche dieser TNF-Wirkungen werden über eine Induktion von anderen Faktoren oder durch synergistische Effekte mit anderen Faktoren, wie beispielsweise Interferonen oder Interleukinen erzielt [13-16].

35

AB/19.4.90

TNF ist bei einer Reihe von pathologischen Zuständen, beispielsweise Schockzuständen bei Meningococcen-Sepsis [17], bei der Entwicklung von Autoimmun-Glomerulonephritis bei Mäusen [18] oder bei cerebraler Malaria bei Mäusen [19] und beim Menschen [41] involviert. Ganz allgemein scheinen die toxischen Wirkungen von Endotoxin durch TNF vermittelt zu sein [20]. Weiterhin kann TNF wie Interleukin-1 Fieber auslösen [39]. Auf Grund der pleiotropen funktionellen Eigenschaften von TNF kann man annehmen, dass TNF in Wechselwirkung mit anderen Cytokinen bei einer ganzen Reihe weiterer pathologischer Zustände als Mediator von Immunantwort, Entzündung oder anderen Prozessen beteiligt ist.

Diese biologischen Effekte werden durch TNF über spezifische Rezeptoren vermittelt, wobei nach heutigem Wissensstand sowohl TNF $\alpha$  wie TNF $\beta$  an die gleichen Rezeptoren binden [21]. Verschiedene Zelltypen unterscheiden sich in der Anzahl von TNF-Rezeptoren [22,23,24]. Solche ganz allgemein gesprochen TNF-bindenden Proteine (TNF-BP) wurden durch kovalente Bindung an radioaktiv markiertes TNF nachgewiesen [24-29], wobei die folgenden scheinbaren Molekulargewichte der erhaltenen TNF/TNF-BP-Komplexe ermittelt wurden: 95/100 kD und 75 kD [24], 95 kD und 75 kD [25], 138 kD, 90 kD, 75 kD und 54 kD [26], 100±5 kD [27], 97 kD und 70 kD [28] und 145 kD [29]. Mittels anti-TNF-Antikörper-Immunoaffinitätschromatographie und präparativer SDS-Polyacrylamideelektrophorese (SDS-PAGE) konnte ein solcher TNF/TNF-BP-Komplex isoliert werden [27]. Die reduktive Spaltung dieses Komplexes und anschliessende SDS-PAGE-Analyse ergab mehrere Banden, die allerdings nicht auf TNF-Bindeaktivität getestet wurden. Da die spezifischen Bedingungen, die zu der Spaltung des Komplexes verwendet werden müssen, zur Inaktivierung des Bindepoteins führen [31], ist letzteres auch nicht möglich gewesen. Die Anreicherung von löslichen TNF-BP aus dem humanen Serum oder Urin mittels Ionenaustauscher-Chromatographie und Gelfiltration (Molekulargewichte im Bereich von 50 kD) wurde von

Olsson et al. beschrieben [30].

Brockhaus et al. [32] erhielten durch TNF $\alpha$ -Liganden-affinitätschromatographie und HPLC aus Membranextrakten von HL60-Zellen eine angereicherte TNF-BP-Präparation, die wiederum als Antigenpräparation zur Herstellung von monoklonalen Antikörpern gegen TNF-BP verwendet wurde. Unter Verwendung eines solchen immobilisierten Antikörpers (Immunaffinitätschromatographie) wurde mittels TNF $\alpha$ -Liganden-affinitätschromatographie und HPLC von Loetscher und Brockhaus [31] aus einem Extrakt von humaner Placenta eine angereicherte Präparation von TNF-BP erhalten, die in der SDS-PAGE-Analyse eine starke breite Bande bei 35 kD, eine schwache Bande bei etwa 40 kD und eine sehr schwache Bande im Bereich zwischen 55 kD und 60 kD ergab. Im übrigen zeigte das Gel im Bereich von 33 kD bis 40 kD einen Protein-hintergrundschmier. Die Bedeutung der so erhaltenen Proteinbanden war jedoch im Hinblick auf die Heterogenität des verwendeten Ausgangsmaterials (Placenta-Gewebe; vereinigtes Material aus mehreren Placenten) nicht klar.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind nichtlösliche Proteine und lösliche oder nichtlösliche Fragmente davon, die TNF binden (TNF-BP), in homogener Form, sowie deren physiologisch verträgliche Salze. Bevorzugt sind solche Proteine, die gemäss SDS-PAGE unter nicht reduzierenden Bedingungen durch scheinbare Molekulargewichte von etwa 55 kD, 51 kD, 38 kD, 36 kD und 34 kD bzw. 75 kD und 65 kD charakterisiert sind, insbesonders solche mit etwa 55 kD und 75 kD. Weiterhin bevorzugt sind solche Proteine, die durch wenigstens eine der folgenden Aminosäureteilsequenzen gekennzeichnet sind:

(IA) Leu-Val-Pro-His-Leu-Gly-Asp-Arg-Glu-Lys-Arg-Asp-Ser-  
35 Val-Cys-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln-X-Asn-Ser-  
Ile

# 00-00-00 M

- 4 -

- (IB) Ser-Thr-Pro-Glu-Lys-Glu-Gly-Glu-Leu-Glu-Gly-Thr-Thr-Thr-Lys  
(IIA) Ser-Gln-Leu-Glu-Thr-Pro-Glu-Thr-Leu-Leu-Gly-Ser-Thr-Glu-Glu-Lys-Pro-Leu  
5 (IIB) Val-Phe-Cys-Thr  
(IIC) Asn-Gln-Pro-Gln-Ala-Pro-Gly-Val-Glu-Ala-Ser-Gly-Ala-Gly-Glu-Ala  
(IID) Leu-Pro-Ala-Gln-Val-Ala-Phe-X-Pro-Tyr-Ala-Pro-Glu-Pro-Gly-Ser-Thr-Cys  
10 (IIE) Ile-X-Pro-Gly-Phe-Gly-Val-Ala-Tyr-Pro-Ala-Leu-Glu  
(IIF) Leu-Cys-Ala-Pro  
(IIG) Val-Pro-His-Leu-Pro-Ala-Asp  
(IIH) Gly-Ser-Gln-Gly-Pro-Glu-Gln-Gln-X-X-Leu-Ile-X-Ala-Pro

15 wobei X für einen Aminosäurerest steht, der nicht eindeutig bestimmt werden konnte.

Im Stand der Technik sind bereits TNF-BP durch eine N-terminale Teilsequenz charakterisiert worden [Europäische Patentanmeldung mit der Publikations-Nr. 308 378], wobei sich diese Sequenz von der erfindungsgemässen N-terminalen Teilsequenz gemäss Formel (IA) unterscheidet. Im übrigen handelt es sich aber bei den im Stand der Technik beschriebenen TNF-Bindeproteinen um aus dem Urin isolierte, lösliche, d.h. nicht membrangebundene, TNF-BP und nicht um membrangebundene, d.h. unlösliche, TNF-BP.

Gegenstand der vorliegenden Anmeldung sind auch Verfahren zur Isolierung der erfindungsgemässen TNF-BP. Diese Verfahren sind dadurch charakterisiert, dass man im wesentlichen die folgenden Reinigungsschritte nacheinander ausführt: Herstellung eines Zell- oder Gewebeextraktes, Immunaffinitätschromatographie und/oder ein- oder mehrfache Ligandenaffinitätschromatographie, hochauflösende Flüssigkeitschromatographie (HPLC) und präparative SDS-Polyacrylamideelektrophorese (SDS-PAGE). Die Kombination der aus

dem Stand der Technik bekannten einzelnen Reinigungsschritte ist für den Erfolg des erfindungsgemäßen Verfahrens essentiell, wobei einzelne Schritte im Rahmen der zu lösenden Aufgabe modifiziert und verbessert wurden. So wurde  
5 beispielsweise der ursprünglich für die Anreicherung von TNF-BP aus humaner Placenta [31] verwendete kombinierte Immunaffinitätschromatographie/TNF $\alpha$ -Ligandenaffinitätschromatographie-Schritt dadurch abgeändert, dass eine BSA-Sepharose 4B-Vorsäule verwendet wurde. Diese Vorsäule wurde zum  
10 Auftrag des Zell- oder Membranextraktes in Reihe mit der Immunaffinitätsäule und gefolgt von der Ligandenaffinitätsäule geschaltet. Nach Auftrag des Extraktes wurden die beiden zuletztgenannten Säulen abgekoppelt, jede für sich eluiert und die TNF-BP-aktiven Fraktionen wurden nochmals  
15 über eine Ligandenaffinitätsäule gereinigt. Erfindungswesentlich für die Durchführung des Umkehrphasen-HPLC-Schrittes ist die Verwendung eines Detergens-haltigen Lösungsmittelgemisches.  
  
20 Ferner ist auch ein technisches Verfahren zum Erzielen hoher Zelldichten von Säugerzellen, aus denen TNF-BP isoliert werden können, Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Ein solches Verfahren zeichnet sich dadurch aus, dass ein Medium, welches für die spezifischen Wachstumserfordernisse  
25 der verwendeten Zelllinie entwickelt wurde, in Verbindung mit einer wie z.B. im Detail in Beispiel 2 beschriebenen Perfusionsapparatur verwendet wird. Mittels eines solchen Verfahrens lassen sich beispielsweise für HL-60-Zellen bis zu mehr als 20-fach höhere Zelldichten als üblich erzielen.  
30 Zusätzlich dazu betrifft die vorliegende Erfindung auch DNA-Sequenzen, die für Proteine und lösliche oder nicht-lösliche Fragmente davon, die TNF binden, kodieren. Bevorzugt sind einmal DNA-Sequenzen, welche für ein solches  
35 Protein mit einem scheinbaren Molekulargewicht von etwa 55 kD kodieren, wobei die in Abbildung 1 dargestellte Sequenz besonders bevorzugt ist, wie Sequenzen, die für nicht-

# 02-20-10 M

- 6 -

lösliche wie lösliche Fragmente von solchen Proteinen kodieren. Eine besonders bevorzugte DNA-Sequenz, die für ein nichtlösliches Protein-Fragment kodiert, reicht von Nukleotid -185 bis 1122 der in Abbildung 1 gezeigten Sequenz. Besonders bevorzugte DNA-Sequenzen, die für lösliche Protein-Fragmente kodieren, sind solche, die von Nukleotid -185 bis 633 bzw. von Nukleotid -14 bis 633 der in Abbildung 1 gezeigten Sequenz reichen. Bevorzugt sind ebenfalls DNA-Sequenzen, die für ein Protein von etwa 75/65 kD kodieren und die in Figur 4 dargestellte partielle cDNA-Sequenzen enthalten. Besonders bevorzugte DNA-Sequenzen sind in diesem Fall die Sequenzen des offenen Leserasters von Nukleotid 2 bis 1'177. Die Peptide IIA, IIC, IIE, IIF, IIIG und IIH werden von der partiellen cDNA-Sequenz in Figur 4 kodiert, wobei die geringfügigen Abweichungen der experimentell bestimmten Aminosäuresequenzen von der von der cDNA abgeleiteten Sequenz mit höchster Wahrscheinlichkeit auf der geringeren Auflösung der Gasphasen-Sequenzierung beruhen. Die vorliegende Erfindung betrifft natürlich auch die von solchen DNA-Sequenzen kodierten rekombinanten Proteine. Selbstverständlich sind dabei auch solche Proteine umfasst, in deren Aminosäuresequenzen, beispielsweise mittels gezielter Mutagenese, Aminosäuren so ausgetauscht worden sind, dass dadurch die Aktivität der TNF-BP oder deren Fragmente, nämlich die Bindung von TNF oder die Wechselwirkung mit anderen, an der Signalübertragung beteiligten Membrankomponenten, in einer gewünschten Art verändert oder erhalten wurden. Aminosäureaustausche in Proteinen und Peptiden, die im allgemeinen die Aktivität solcher Moleküle nicht verändern, sind im Stand der Technik bekannt und beispielsweise von H. Neurath und R.L. Hill in "The Proteins" (Academic Press, New York, 1979, siehe besonders Figur 6, Seite 14) beschrieben. Die am häufigsten vorkommenden Austausche sind: Ala/Ser, Val/Ile, Asp/Glu, Thr/Ser, Ala/Gly, Ala/Thr, Ser/Asn, Ala/Val, Ser/Gly, Tyr/Phe, Ala/Pro, Lys/Arg, Asp/Asn, Leu/Ile, Leu/Val, Ala/Glu, Asp/Gly, sowie solche in umgekehrter Weise. Die

- vorliegende Erfindung betrifft ferner Vektoren, die erfindungsgemäße DNA-Sequenzen enthalten und zur Transformation von geeigneten pro- wie eukaryotischen Wirtssystemen geeignet sind, wobei solche Vektoren bevorzugt
- 5 sind, deren Verwendung zur Expression der von den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen kodierten Proteine führt. Schliesslich betrifft die vorliegende Erfindung auch noch mit solchen Vektoren transformierte pro- wie eukaryotische Wirtssysteme, wie Verfahren zur Herstellung von erfindungsgemäßen rekombinanten Verbindungen durch Kultivierung
- 10 solcher Wirtssysteme und anschliessende Isolierung dieser Verbindungen aus den Wirtssystemen selbst oder deren Kulturüberständen.
- 15 Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind auch pharmazeutische Präparate, die wenigstens eines dieser TNF-BP oder Fragmente davon, gewünschtenfalls in Verbindung mit weiteren pharmazeutisch wirksamen Substanzen und/oder nicht-toxischen, inerten, therapeutisch verträglichen Trägermaterialien enthalten.
- 20

Die vorliegende Erfindung betrifft schliesslich die Verwendung solcher TNF-BP einerseits zur Herstellung pharmazeutischer Präparate bzw. andererseits zur Behandlung von

25 Krankheiten, bevorzugt solchen, in deren Verlauf TNF involviert ist.

Ausgangsmaterial für die erfindungsgemäßen TNF-BP sind ganz allgemein Zellen, die solche TNF-BP in membrangebundener Form enthalten und die dem Fachmann ohne Beschränkungen allgemein zugänglich sind, wie beispielsweise HL60- [ATCC Nr. CCL 240], U 937- [ATCC Nr. CRL 1593], SW 480- [ATCC Nr. CCL 228] und HEp2-Zellen [ATCC Nr. CCL 23]. Diese Zellen können nach bekannten Methoden des Standes der Technik [40]

30 35 oder zum Erzielen hoher Zelldichten nach dem bereits allgemein und im Detail für HL60-Zellen in Beispiel 2 beschriebenen Verfahren kultiviert werden. TNF-BP können dann nach

# 00-00-10 M

- 8 -

bekannten Methoden des Standes der Technik mittels geeigneter Detergenzien, beispielsweise Triton X-114, 1-O-n-Octyl- $\beta$ -D-glucopyranosid (Octylglucosid), oder 3-[(3-Cholylamido-propyl)-dimethylammonio]-1-propan sulfonat (CHAPS), im besonderen mittels Triton X-100, aus den aus dem Medium abzentrifugierten und gewaschenen Zellen extrahiert werden. Zum Nachweis solcher TNF-BP können die üblicherweise verwendeten Nachweismethoden für TNF-BP, beispielsweise eine Polyäthenglykol-induzierte Fällung des  $^{125}$ I-TNF/TNF-BP-Komplexes [27], im besonderen Filterbindungstests mit radioaktiv markiertem TNF gemäss Beispiel 1, verwendet werden. Zur Gewinnung der erfindungsgemässen TNF-BP können die generell zur Reinigung von Proteinen, insbesondere von Membranproteinen, verwendeten Methoden des Standes der Technik, wie beispielsweise Ionenaustausch-Chromatographie, Gelfiltration, Affinitätschromatographie, HPLC und SDS-PAGE verwendet werden. Besonders bevorzugte Methoden zur Herstellung erfindungsgemässer TNF-BP sind Affinitätschromatographie, insbesondere mit TNF- $\alpha$  als an die Festphase gebundenen Liganden und Immunaffinitätschromatographie, HPLC und SDS-PAGE. Die Elution von mittels SDS-PAGE aufgetrennten TNF-BP Banden kann nach bekannten Methoden der Proteinchemie erfolgen, beispielsweise mittels Elektroelution nach Hunkapiller et al. [34], wobei nach heutigem Stand des Wissens die dort angegebenen Elektro-Dialysezeiten generell zu verdoppeln sind. Danach noch verbleibende Spuren von SDS können dann gemäss Bosserhoff et al. [50] entfernt werden.

Die so gereinigten TNF-BP können mittels der im Stand der Technik bekannten Methoden der Peptidchemie, wie beispielsweise N-terminale Aminosäuresequenzierung oder enzymatische wie chemische Peptidspaltung charakterisiert werden. Durch enzymatische oder chemische Spaltung erhaltene Fragmente können nach gängigen Methoden, wie beispielsweise HPLC, aufgetrennt und selbst wieder N-terminal sequenziert werden. Solche Fragmente, die selbst noch TNF binden, können mittels der obengenannten Nachweismethoden für TNF-BP

identifiziert werden und sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- Ausgehend von der so erhältlichen Aminosäuresequenz-  
5 information oder den in Figur 1 dargestellten DNA- wie Aminosäuresequenzen können unter Beachtung der Degeneration des genetischen Codes nach im Stand der Technik bekannten Methoden geeignete Oligonukleotide hergestellt werden [51]. Mittels dieser können dann wiederum nach bekannten Methoden  
10 der Molekularbiologie [42,43] cDNA- oder genomische DNA-Banken nach Klonen, die für TNF-BP kodierende Nuklein-säuresequenzen enthalten, abgesucht werden. Ausserdem können mittels der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) [49] cDNA-Frag-  
15 mente kloniert werden, indem von zwei auseinanderliegenden, relativ kurzen Abschnitten der Aminosäuresequenz unter Beachtung des genetischen Codes vollständig degenerierte und in ihrer Komplementarität geeignete Oligonucleotide als "Primer" eingesetzt werden, wodurch das zwischen diesen beiden Sequenzen liegende Fragment amplifiziert und identi-  
20 fiziert werden kann. Die Bestimmung der Nukleotidsequenz eines derartigen Fragmentes ermöglicht eine unabhängige Bestimmung der Aminosäure-Sequenz des Proteinfragments, für das es kodiert. Die mittels der PCR erhältlichen cDNA-Frag-  
25 mente können ebenfalls, wie bereits für die Oligonukleotide selbst beschrieben, nach bekannten Methoden zum Aufsuchen von für TNF-BP kodierende Nukleinsäuresequenzen enthaltenden Klonen aus cDNA- bzw. genomische DNA-Banken verwendet werden. Solche Nukleinsäuresequenzen können dann nach bekannten Methoden sequenziert werden [42]. Aufgrund der so  
30 bestimmten wie der für bestimmte Rezeptoren bereits bekannten Sequenzen, können solche Teilsequenzen, die für lösliche TNF-BP-Fragmente kodieren, bestimmt und mittels bekannter Methoden aus der Gesamtsequenz herausgeschnitten werden [42].
- 35 Die gesamte Sequenz oder solche Teilsequenzen können dann mittels bekannter Methoden in im Stand der Technik beschriebene Vektoren zu deren Vervielfältigung wie Express-

sion in Prokaryoten integriert werden [42]. Geeignete prokaryotische Wirtsorganismen stellen beispielsweise gram-negative wie gram-positive Bakterien, wie beispielsweise E. coli Stämme, wie E. coli HB 101 [ATCC Nr. 33 694] oder 5 E. coli W3110 [ATCC Nr. 27 325] oder B. subtilis Stämme dar.

Weiterhin können erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenzen, die für TNF-BP sowie für TNF-BP-Fragmente kodieren, in geeignete Vektoren zur Vermehrung wie Expression in 10 eukaryotischen Wirtszellen, wie beispielsweise Hefe, Insekten- und Säuerzellen, mittels bekannter Methoden integriert werden. Expression solcher Sequenzen erfolgt bevorzugt in Säuger- wie Insektenzellen.

15 Ein typischer Expressionsvektor für Säuerzellen enthält ein effizientes Promotorelement, um eine gute Transkriptionsrate zu erzielen, die zu exprimierende DNA-Sequenz und Signale für eine effiziente Termination und Polyadenylierung des Transkripts. Weitere Elemente, die verwendet werden 20 können, sind "Enhancer", welche zu nochmals verstärkter Transkription führen und Sequenzen, welche z.B. eine längere Halbwertszeit der mRNA bewirken können.

Die meisten Vektoren, die für eine transiente Expression 25 einer bestimmten DNA-Sequenz in Säuerzellen verwendet werden, enthalten den Replikationsursprung des SV40 Virus. In Zellen, die das T-Antigen des Virus exprimieren, (z.B. COS-Zellen), werden diese Vektoren stark vermehrt. Eine vorübergehende Expression ist aber nicht auf COS-Zellen 30 beschränkt. Im Prinzip kann jede transfektierbare Säuerzelllinie hierfür verwendet werden. Signale, die eine starke Transkription bewirken können, sind z.B. die frühen und späten Promotoren von SV40, der Promoter und Enhancer des "major immediate-early" Gens des HCMV (humaner Cytomegalovirus), die LTRs ("long terminal repeats") von Retroviren, 35 wie beispielsweise RSV, HIV und MMTV. Es können aber auch Signale von zellulären Genen, wie z.B. die Promotoren des

Aktin- und Collagenase-Gens, verwendet werden.

Alternativ können aber auch stabile Zelllinien, die die spezifische DNA-Sequenz im Genom (Chromosom) integriert  
5 haben, erhalten werden. Hierzu wird die DNA-Sequenz zusammen mit einem selektierbaren Marker, z.B. Neomycin, Hygromycin, Dihydrofolat-Reduktase (dhfr) oder Hypoxanthin-Guanin-Phosphoribosyltransferase (hgpt) kotransfektiert. Die stabil ins Chromosom eingebaute DNA-Sequenz kann auch noch stark vermehrt werden. Ein geeigneter Selektionsmarker hierfür ist beispielsweise die Dihydrofolat-Reduktase (dhfr). Säugerzellen (z.B. CHO-Zellen), welche kein intaktes dhfr-Gen enthalten, werden hierbei nach erfolgter Transfektion mit steigenden Mengen von Methotrexat inkubiert. Auf diese Weise 15 können Zelllinien erhalten werden, welche mehr als tausend Kopien der gewünschten DNA-Sequenz enthalten.

Säugerzellen, welche für die Expression verwendet werden können, sind z.B. Zellen der menschlichen Zelllinien Hela [ATCC CCL2] und 293 [ATCC CRL 1573], sowie 3T3- [ATCC CCL 163] und L-Zellen, z.B. [ATCC CCL 149], (CHO)-Zellen [ATCC CCL 61], BHK [ATCC CCL 10]-Zellen sowie die CV 1 [ATCC CCL 70]- und die COS-Zelllinien [ATCC CRL 1650, CRL 1651].

25 Geeignete Expressionsvektoren umfassen beispielsweise Vektoren wie pBC12MI [ATCC 67 109], pSV2dhfr [ATCC 37 146], pSVL [Pharmacia, Uppsala, Sweden], pRSVcat [ATCC 37 152] und pMSG [Pharmacia, Uppsala, Sweden]. Besonder bevorzugte Vektoren sind die in Beispiel 9 verwendeten Vektoren "pK19" und "pN123". Diese können aus den mit ihnen transformierten E. coli-Stämmen HB101(pK19) und HB101(pN123) nach bekannten Methoden isoliert werden [42]. Diese E. coli-Stämme wurden am 26. Januar 1990 bei der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSM) in Braunschweig, BRD 35 unter DSM 5761 für HB101(pK19) und DMS 5764 für HB101(pN123) hinterlegt.

# 09-00-10 M

- 12 -

Die Art und Weise wie die Zellen transfektiert werden hängt vom gewählten Expressions- und Vektorsystem ab. Eine Uebersicht über diese Methoden findet man z.B. bei Pollard et al., "DNA Transformation of Mammalian Cells" in "Methods in Molecular Biology" [Nucleic Acids Vol. 2, 1984, Walker, J.M., ed, Humana, Clifton, New Jersey]. Weitere Methoden findet man bei Chen und Okayama ["High-Efficiency Transformation of Mammalian Cells by Plasmid DNA", Molecular and Cell Biology 7, 2745-2752, 1987] und bei Felgner [Felgner et al., "Lipofectin: A highly efficient, lipid-mediated DNA-transfection procedure", Proc. Nat. Acad. Sci. USA 84, 7413-7417, 1987].

Zur Expression in Insektenzellen kann das Baculovirus-Expressions-System, welches schon für die Expression einer Reihe von Proteinen erfolgreich eingesetzt worden ist (für eine Uebersicht siehe Luckow and Summers, Bio/Technology 6, 47-55, 1988), verwendet werden. Rekombinante Proteine können authentisch oder als Fusionsproteine hergestellt werden. Die so hergestellten Proteine können auch modifiziert, wie beispielsweise glykosyliert (Smith et al., Proc. Nat. Acad. Sci. USA 82, 8404-8408, 1987) sein. Für die Herstellung eines rekombinanten Baculovirus, der das gewünschte Protein exprimiert, verwendet man einen sogenannten "Transfervektor". Hierunter versteht man ein Plasmid, welches die heterologe DNA-Sequenz unter der Kontrolle eines starken Promoters, z.B. dem des Polyhedringens, enthält, wobei diese auf beiden Seiten von viralen Sequenzen umgeben ist. Besonders bevorzugte Vektoren sind die in Beispiel 10 verwendeten Vektoren "pN113", "pN119" und "pN124". Diese können aus den mit ihnen transformierten E. coli-Stämmen HB101(pN113), HB101(pN119) und HB101(pN124) nach bekannten Methoden isoliert werden [42]. Diese E. coli-Stämme wurden am 26. Januar 1990 bei der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSM) in Braunschweig, BRD, unter DSM 5762 für HB101(pN113), DSM 5763 für HB101(pN119) und DSM 5765 für HB101(pN124) hinterlegt. Der Transfervektor wird dann

zusammen mit DNA des Wildtyp-Baculovirus in die Insektenzellen transfektiert. Die in den Zellen durch homologe Rekombination entstehenden rekombinanten Viren können dann nach bekannten Methoden identifiziert und isoliert werden.

- 5 Eine Uebersicht über das Baculovirus-Expressionssystem und der dabei verwendeten Methoden findet man bei Luckow und Summers [52].

10 Exprimierte TNF-BP wie ihre nichtlöslichen oder löslichen Fragmente können dann nach im Stand der Technik bekannten Methoden der Proteinchemie, wie beispielsweise den bereits auf Seiten 5-6 beschriebenen Verfahren, aus der Zellmasse oder den Kulturüberständen gereinigt werden.

15 Die erfindungsgemäss erhaltenen TNF-BP können auch als Antigene zur Erzeugung von poly- und monoklonalen Antikörpern nach bekannten Methoden der Technik [44,45] oder gemäss dem in Beispiel 3 beschriebenen Verfahren verwendet werden. Solche Antikörper, insbesondere monoklonale Antikörper gegen die 75 kD-TNF-BP-Spezies, sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Solche gegen die 75 kD TNF-BP gerichtete Antikörper können durch den Fachmann geläufige Modifikationen des in den Beispielen 4-6 im Detail beschriebenen Reinigungsverfahrens zur Isolierung von TNF-BP eingesetzt werden.

30 Auf Grund der hohen Bindungsaaffinität erfindungsgemässer TNF-BP für TNF ( $K_d$ -Werte in den Größenordnungen von  $10^{-9}$  -  $10^{-10}$  M) können diese oder Fragmente davon als Diagnostika zum Nachweis von TNF in Serum oder anderen Körperflüssigkeiten nach im Stand der Technik bekannten Methoden, beispielsweise in Festphasenbindungstests oder in Verbindung mit Anti-TNF-BP-Antikörpern in sogenannten "Sandwich"-Tests, eingesetzt werden.

35 Im übrigen können erfindungsgemässer TNF-BP einerseits zur Reinigung von TNF und andererseits zum Auffinden von

# 00-001-10 M

- 14 -

TNF-Agonisten sowie TNF-Antagonisten nach im Stand der Technik bekannten Verfahren verwendet werden.

Die erfindungsgemässen TNF-BP sowie deren physiologisch verträgliche Salze, die nach im Stand der Technik bekannten Methoden hergestellt werden können, können auch zur Herstellung von pharmazeutischen Präparaten, vor allem solchen zur Behandlung von Krankheiten, bei deren Verlauf TNF involviert ist, verwendet werden. Dazu kann eine oder mehrere der genannten Verbindungen, falls wünschenswert bzw. erforderlich in Verbindung mit anderen pharmazeutisch aktiven Substanzen, mit den üblicherweise verwendeten festen oder flüssigen Trägermaterialien in bekannter Weise verarbeitet werden. Die Dosierung solcher Präparate kann unter Berücksichtigung der üblichen Kriterien in Analogie zu bereits verwendeten Präparaten ähnlicher Aktivität und Struktur erfolgen.

Nachdem die Erfindung vorstehend allgemein beschrieben worden ist, sollen die folgenden Beispiele Einzelheiten der Erfindung veranschaulichen, ohne dass diese dadurch in irgendeiner Weise eingeschränkt wird.

## Beispiel 1

25

### Nachweis von TNF-bindenden Proteinen

Die TNF-BP wurden in einem Filtertest mit humanem radiojodiertem <sup>125</sup>I-TNF nachgewiesen. TNF (46,47) wurde mit <sup>125</sup>Na I (IMS40, Amersham, Amersham, England) und Iodo-Gen (#28600, Pierce Eurochemie, Oud-Beijerland, Niederlande) nach Fraker und Speck [48] radioaktiv markiert. Zum Nachweis der TNF-BP wurden isolierte Membranen der Zellen oder ihre solubilisierten, angereicherten und gereinigten Fraktionen auf angefeuchtete Nitrocellulose-Filter (0.45 µ, BioRad, Richmond, California, USA) aufgetragen. Die Filter wurden dann in Pufferlösung mit 1% entfettetem Milchpulver

blockiert und anschliessend mit  $5 \cdot 10^5$  cpm/ml  
125 I-TNF $\alpha$  ( $0.3-1.0 \cdot 10^8$  cpm/ $\mu$ g) in zwei Ansätzen  
mit und ohne Beigabe von 5 $\mu$ g/ml nicht-markiertem TNF $\alpha$   
inkubiert, gewaschen und luftgetrocknet. Die gebundene  
5 Radioaktivität wurde autoradiographisch semiquantitativ  
nachgewiesen oder in einem  $\gamma$ -Counter gezählt. Die spezi-  
fische 125 I-TNF- $\alpha$ -Bindung wurde nach Korrektur für  
unspezifische Bindung in Anwesenheit von unmarkiertem  
TNF- $\alpha$  im Ueberschuss ermittelt. Die spezifische  
10 TNF-Bindung im Filtertest wurde bei verschiedenen  
TNF-Konzentrationen gemessen und nach Scatchard analysiert  
[33], wobei ein  $K_d$ -Wert von  $\sim 10^{-9}-10^{-10}$  M ermittelt  
wurde.

15

Beispiel 2Zellextrakte von HL-60-Zellen

HL60 Zellen [ATCC-Nr. CCL 240] wurden in experimentellem  
20 Labormasstab in einem RPMI 1640-Medium [GIBCO-Katalog Nr.  
074-01800], das noch 2 g/l NaHCO<sub>3</sub> und 5% fötales Kälber-  
serum enthielt, in einer 5% CO<sub>2</sub>-Atmosphäre kultiviert und  
anschliessend zentrifugiert.

25 Zum Erzielen hoher Zelldichten in technischem Masstab  
wurde folgendermassen verfahren. Die Züchtung wurde in einem  
75 l Airliftfermenter (Fa. Chemap, Schweiz) mit 58 l  
Arbeitsvolumen durchgeführt. Hierfür wurde das Kassetten-  
membransystem "PROSTAK" (Millipore, Schweiz) mit einer  
30 Membranfläche von 0,32 m<sup>2</sup> (1 Kassette) in den äusseren  
Zirkulationskreislauf integriert. Das Kulturmedium (siehe  
Tabelle 1) wurde mit einer Watson-Marlow Pumpe, Typ 603U,  
mit 5 l/min. umgepumpt. Nach einer Dampfsterilisation der  
Anlage, wobei das "PROSTAK" System im Autoklaven separat  
35 sterilisiert wurde, wurde die Fermentation mit wachsenden  
HL-60 Zellen aus einem 20 l Airliftfermenter (Chemap)  
gestartet. Die Zellzüchtung im Impffermenter erfolgte im

# DE-60-10 M

- 16 -

konventionellen Batchverfahren in dem Medium gemäss Tabelle 1 und einem Startzelltiter von  $2 \times 10^5$  Zellen/ml. Nach 4 Tagen wurde der HL60 Ansatz mit einem Titer von  $4,9 \times 10^6$  Zellen/ml in den 75 l Fermenter überführt. Der pH-Wert wurde bei 7.1 und der  $pO_2$  Wert bei 25% Sättigung gehalten, wobei der Sauerstoffeintrag durch eine mikroporöse Fritte erfolgte. Nach anfänglicher Batchfermentation wurde am 2. Tag die Perfusion bei einem Zelltiter von  $4 \times 10^6$  Zellen/ml mit 30 l Mediumaustausch pro Tag gestartet. Auf der 10 Filtratseite der Membran wurde das konditionierte Medium abgezogen und durch den Zulauf von frischem Medium ersetzt. Das Zulaufmedium wurde wie folgt verstärkt: Primatone von 0,25% auf 0,35%, Glutamin von 5 mM auf 6 mM und Glucose von 4 g/l auf 6 g/l. Die Perfusionsrate wurde dann am 3. und 4. 15 Tag auf 72 l Medium/Tag und am 5. Tag auf 100 l Medium/Tag erhöht. Nach 120 Stunden der kontinuierlichen Züchtung wurde die Fermentation beendet. Unter den gegebenen Fermentationsbedingungen erfolgte exponentielles Zellwachstum bis  $40 \times 10^6$  Zellen/ml. Die Verdopplungszeit der Zellpopulation 20 betrug bis  $10 \times 10^6$  Zellen/ml 20-22 Stunden und stieg dann mit zunehmender Zelldichte auf 30-36 Stunden an. Der Anteil der lebenden Zellen lag während der gesamten Fermentationszeit bei 90-95%. Der HL-60 Ansatz wurde dann im Fermenter auf ca. 12°C heruntergekühlt und die Zellen durch 25 Zentrifugation (Beckman-Zentrifuge [Modell J-6B, Rotor JS], 3000 rpm, 10 min., 4°C) geerntet.

## Tabelle 1

### 30 HL-60 Medium

	Komponenten	Konzentrationen mg/l
30	$CaCl_2$ (wasserfrei)	112,644
	$Ca(NO_3)_2 \cdot 4H_2O$	20
35	$CuSO_4 \cdot 5H_2O$	$0,498 \cdot 10^{-3}$
	$Fe(NO_3)_3 \cdot 9H_2O$	0,02
	$FeSO_4 \cdot 7H_2O$	0,1668

# MOLAR-Ö

- 17 -

	KCl	336,72
	KNO <sub>3</sub>	0,0309
	MgCl <sub>2</sub> (wasserfrei)	11,444
	MgSO <sub>4</sub> (wasserfrei)	68,37
5	NaCl	5801,8
	Na <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub> (wasserfrei)	188,408
	NaH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub> •H <sub>2</sub> O	75
	Na <sub>2</sub> SeO <sub>3</sub> •5H <sub>2</sub> O	9,6•10 <sup>-3</sup>
	ZnSO <sub>4</sub> •7H <sub>2</sub> O	0,1726
10		
	D-Glucose	4000
	Glutathion (red.)	0,2
	Hepes-Puffer	2383,2
	Hypoxanthin	0,954
15	Linolsäure	0,0168
	Liponsäure	0,042
	Phenolrot	10,24
	Putrescin 2HCl	0,0322
	Na-Pyruvat	88
20	Thymidin	0,146
	Biotin	0,04666
	D-Ca-Pantothenat	2,546
	Cholinchlorid	5,792
	Folsäure	2,86
25	i-Inositol	11,32
	Niacinamid	2,6
	Nicotinamid	0,0074
	para-Aminobenzoesäure	0,2
	Pyridoxal HCl	2,4124
30	Pyridoxin HCl	0,2
	Riboflavin	0,2876
	Thiamin HCl	2,668
	Vitamin B <sub>12</sub>	0,2782
35	L-Alanin	11,78
	L-Asparaginsäure	10
	L-Asparagin H <sub>2</sub> O	14,362

# 00-00-00 M

- 18 -

	L-Arginin	40
	L-Arginin HCl	92,6
	L-Aspartat	33,32
	L-Cystin 2HCl	62,04
5	L-Cystein HCl•H <sub>2</sub> O	7,024
	L-Glutaminsäure	36,94
	L-Glutamin	730
	L-Glycin	21,5
	L-Histidin	3
10	L-Histidin HCl•H <sub>2</sub> O	27,392
	L-Hydroxypyrolin	4
	L-Isoleucin	73,788
	L-Leucin	75,62
	L-Lysin HCl	102,9
15	L-Methionin	21,896
	L-Phenylalanin	43,592
	L-Prolin	26,9
	L-Serin	31,3
	L-Threonin	53
20	L-Tryptophan	11,008
	L-Tyrosin•2Na	69,76
	L-Valin	62,74
	Penicillin/Streptomycin	100 U/ml
25	Insulin (human)	5 µg/ml
	Tranferrin (human)	15 µg/ml
	Rinderserumalbumin	67 µg/ml
	Primateone RL (Sheffield Products, Norwich NY, USA)	0,25%
30	Pluronic F68 (Serva, Heidelberg, BRD)	0,01%
	Fötales Kälberserum	0,3-3%

Das Zentrifugat wurde mit isotonem Phosphatpuffer (PBS;  
 35 0,2 g/l KCl, 0,2 g/l KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, 8,0 g/l NaCl, 2,16 g/l  
 Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> • 7H<sub>2</sub>O), der mit 5% Dimethylformamid, 10 mM  
 Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin, 10 µM Leupeptin, 1 µM

Pepstatin, 1 mM o-Phenanthroline, 5 mM Jodacetamid, 1 mM Phenylmethylsulfonylfluorid versetzt war (im folgenden als PBS-M bezeichnet), gewaschen. Die gewaschenen Zellen wurden bei einer Dichte von  $2,5 \cdot 10^8$  Zellen/ml in PBS-M mit 5 Triton X-100 (Endkonzentration 1,0%) extrahiert. Der Zell-extrakt wurde durch Zentrifugation geklärt ( $15'000 \times g$ , 1 Stunde;  $100'000 \times g$ , 1 Stunde).

Beispiel 3

10

Herstellung von monoklonalen (TNF-BP)-Antikörpern

Ein gemäss Beispiel 2 erhaltener Zentrifugationsüberstand aus Kultivierung von HL60-Zellen im experimentellen Labormasstab wurde im Verhältnis 1:10 mit PBS verdünnt. Der verdünnte Ueberstand wurde bei  $4^\circ C$  auf eine Säule aufgetragen (Flussrate: 0,2 ml/min.), die 2 ml Affigel 10 enthielt (Bio Rad Katalog Nr. 153-6099), an das 20 mg rekombinantes humanes TNF- $\alpha$  [Pennica, D. et al. (1984) Nature 212, 724; Shirai, T. et al. (1985) Nature 313, 803; Wang, A.M. et al. (1985) Science 228, 149] gemäss den Empfehlungen des Herstellers gekoppelt worden war. Die Säule wurde bei  $4^\circ C$  und einer Durchflussrate von 1 ml/min zuerst mit 20 ml PBS, das 0,1% Triton X 114 enthielt und danach mit 20 ml PBS gewaschen. So angereichertes TNF-BP wurde bei  $22^\circ C$  und einer Flussrate von 2 ml/min mit 4 ml 100 mM Glycin, pH 2.8, 0,1% Decylmaltosid eluiert. Das Eluat wurde in einer Centricon 30 Einheit [Amicon] auf 10  $\mu l$  konzentriert.

30 10  $\mu l$  dieses Eluates wurden mit 20  $\mu l$  vollständigem Freundschen Adjuvans zu einer Emulsion gemischt. Je 10  $\mu l$  der Emulsion wurden gemäss dem von Holmdahl, R. et al. [(1985), J. Immunol. Methods 83, 379] beschriebenen Verfahren an den Tagen 0, 7 und 12 in eine hintere Fusspfote 35 einer narkotisierten Balb/c-Maus injiziert.

# 00-000-00 M

- 20 -

Am Tag 14 wurde die immunisierte Maus getötet, der popliteale Lymphknoten herausgenommen, zerkleinert und in Iscove's Medium (IMEM, GIBCO Katalog Nr. 074-2200), das 2 g/l NaHCO<sub>3</sub> enthielt, durch wiederholtes Pipettieren suspendiert. Gemäss einem modifizierten Verfahren von De St.Groth und Scheidegger [J. Immunol. Methods (1980), 35, 1] wurden 5x10<sup>7</sup> Zellen des Lymphknotens mit 5x10<sup>7</sup> PAI Maus-Myelomazellen (J.W. Stocker et al., Research Disclosure, 217, Mai 1982, 155-157), die sich in logarithmischem Wachstum befanden, fusioniert. Die Zellen wurden gemischt, durch Zentrifugation gesammelt und durch leichtes Schütteln in 2 ml 50% (v/v) Polyethylenglycol in IMEM bei Raumtemperatur resuspendiert und durch langsame Zugabe von 10 ml IMEM während 10 Minuten vorsichtigen Schüttelns verdünnt. Die Zellen wurden durch Zentrifugation gesammelt und in 200 ml vollständigem Medium [IMEM + 20% fötales Kälberserum, Glutamin (2.0 mM), 2-Mercaptoethanol (100 µM), 100 µM Hypoxanthine, 0.4 µM Aminopterine und 16 µM Thymidine (HAT)] resuspendiert. Die Suspension wurde auf 10 Gewebe- kulturschalen, die jeweils 96 Vertiefungen enthielten, verteilt und ohne Wechsel des Mediums bei 37°C in einer Atmosphäre von 5% CO<sub>2</sub> und einer relativen Luftfeuchtigkeit von 98% 11 Tage lang inkubiert.

Die Antikörper zeichnen sich aus durch ihre inhibierende Wirkung auf die TNF-Bindung an HL60-Zellen oder durch ihre Bindung an Antigen im Filtertest gemäss Beispiel 1. Zum Nachweis der biologischen Aktivität von anti(TNF-BP)-Antikörpern wurde folgendermassen verfahren: 5x10<sup>6</sup> HL60 oder U937-Zellen wurden in vollständigem RPMI 1640 Medium zusammen mit affinitätsgereinigten monoklonalen anti-(TNF-BP)-Antikörpern oder Kontrollantikörpern (d.h. solchen, die nicht gegen TNF-BP gerichtet sind) in einem Konzentrationsbereich von 1 ng/ml bis 10 µg/ml inkubiert. Nach einer Stunde Inkubation bei 37°C wurden die Zellen durch Zentrifugation gesammelt und mit 4,5 ml PBS bei 0°C gewaschen. Sie wurden in 1 ml vollständigem RPMI 1640 Medium

- (Beispiel 2), das zusätzlich 0,1% Natriumazid und  $^{125}\text{I}$ -  
-TNF $\alpha$  ( $10^6$  cpm/ml) mit oder ohne Beigabe von unmar-  
kiertem TNF $\alpha$  (s.o.) enthielt, resuspendiert. Die spezifi-  
sche Radioaktivität des  $^{125}\text{I}$ -TNF $\alpha$  betrug 700 Ci/mmol.
- 5 Die Zellen wurden 2 Stunden bei 4°C inkubiert, gesammelt und  
4 mal mit 4,5 ml PBS, das 1% BSA und 0,001% Triton X 100  
(Fluka) enthielt, bei 0°C gewaschen. Die an die Zellen  
gebundene Radioaktivität wurde in einem  $\gamma$ -Scintillations-  
zähler gemessen. In einem vergleichbaren Experiment wurde  
10 die zellgebundene Radioaktivität von Zellen, die nicht mit  
anti-(TNF-BP)-Antikörpern behandelt worden waren, bestimmt  
(ungefähr 10 000 cpm/ $5 \times 10^6$  Zellen).

Beispiel 4

15

Affinitätschromatographie

Für die weitere Reinigung wurden jeweils ein gemäss  
Beispiel 3 erhaltener monoklonaler anti-(55 kD TNF-BP)-Anti-  
körper (2,8 mg/ml Gel), TNF $\alpha$  (3,0 mg/ml Gel) und Rinder-  
serumalbumin (BSA, 8,5 mg/ml Gel) gemäss den Vorschriften  
des Herstellers kovalent an CNBr-aktivierte Sepharose 4B  
(Pharmacia, Uppsala, Schweden) gekoppelt. Der gemäss  
Beispiel 2 erhaltene Zellextakt wurde über die so herge-  
stellten und in der folgenden Reihenfolge hintereinander-  
geschalteten Säulen geleitet: BSA-Sepharose-Vorsäule, Immun-  
affinitätssäule [Anti-(55 kD-TNF-BP)-Antikörper], TNF $\alpha$ -  
-Ligand-Affinitätssäule. Nach vollständigem Auftrag wurden  
die beiden letztgenannten Säulen abgetrennt und einzeln für  
30 sich mit je 100 ml der folgenden Pufferlösungen gewaschen:  
(1) PBS, 1,0% Triton X-100, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml  
Aprotinin; (2) PBS, 0,1% Triton X-100, 0,5M NaCl, 10 mM ATP,  
10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin; und (3) PBS, 0,1%  
Triton X-100, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin. Sowohl  
35 die Immun- als auch die TNF $\alpha$ -Ligand-Affinitätssäule wurden  
dann mit 100 mM Glycin pH 2.5, 100 mM NaCl, 0,2% Decyl-  
maltoside, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin jede für

sich eluiert. Die im Filtertest gemäss Beispiel 1 aktiven Fraktionen jeder Säule wurden danach jeweils vereint und mit 1M Tris pH 8,0 neutralisiert.

5       Die so vereinten TNF-BP-aktiven Fraktionen der Immun-Affinitätschromatographie einerseits und der TNF $\alpha$ -Ligand-Affinitätschromatographie andererseits wurden zur weiteren Reinigung nochmals auf je eine kleine TNF $\alpha$ -Ligand-Affinitätssäule aufgetragen. Danach wurden diese beiden Säulen mit  
10      je 40 ml von (1) PBS, 1,0% Triton X-100, 10 mM Benzamidin,  
          100 E/ml Aprotinin, (2) PBS, 0,1% Triton X-100, 0,5M NaCl,  
          10 mM ATP, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin, (3) PBS,  
          0,1% Triton X-100, (4) 50 mM Tris pH 7,5, 150 mM NaCl, 1,0%  
15      NP-40, 1,0% Desoxycholat, 0,1% SDS, (5) PBS, 0,2% Decyl-  
          maltosid gewaschen. Anschliessend wurden die Säulen mit  
          100 mM Glycin pH 2,5, 100 mM NaCl, 0,2% Decylmaltosid  
eluiert. Fraktionen von 0,5 ml von jeder Säule wurden für sich gesammelt und die gemäss Filtertest (Beispiel 1)  
aktiven Fraktionen von jeder Säule jeweils für sich vereint  
20      und in einer Centricon-Einheit (Amicon, Molekulargewichts-Ausschluss 10'000) aufkonzentriert.

Beispiel 5

25    Auftrennung mittels HPLC

Die gemäss Beispiel 4 erhaltenen aktiven Fraktionen wurden gemäss ihrer unterschiedlichen Herkunft (Immun- bzw. Ligand-Affinitätschromatographie) jeweils für sich auf C1/C8  
30      Umkehrphasen-HPLC-Säulen (ProRPC, Pharmacia, 5x20 mm), die mit 0,1% Trifluoressigsäure, 0,1% Octylglucosid equilibriert worden waren, aufgetragen. Die Säulen wurden dann mit einem linearen Acetonitril-Gradienten (0-80%) im gleichen Puffer bei einem Fluss von 0,5 ml/min eluiert. Fraktionen von  
35      1,0 ml wurden von jeder Säule gesammelt und die aktiven Fraktionen von jeder Säule für sich vereint (Nachweis gemäss Beispiel 1).

Beispiel 6

Auftrennung mittels SDS-PAGE

5 Die gemäss Beispiel 5 erhaltenen und gemäss Filtertest  
(Beispiel 1) aktiven Fraktionen wurden durch SDS-PAGE gemäss  
[34] weiter aufgetrennt. Dazu wurden die Proben in SDS-  
-Probenpuffer während 3 Minuten auf 95°C erhitzt und  
anschliessend auf einem 12% Acrylamid-Trenngel mit einem  
10 5%igen Sammelgel elektrophoretisch aufgetrennt. Als Referenz  
zur Bestimmung der scheinbaren Molekulargewichte auf dem  
SDS-PAGE Gel wurden die folgenden Eichproteine verwendet:  
Phosphorylase B (97,4 kD), BSA (66,2 kD), Ovalbumin  
(42,7 kD), Carboanhydrase (31,0 kD), Soya Trypsin-Inhibitor  
15 (21,5 kD) und Lysozym (14,4 kD).

Unter den genannten Bedingungen wurden für Proben, die  
gemäss Beispiel 4 durch TNF- $\alpha$ -Ligandenaffinitätschromato-  
graphie von Immunaffinitätschromatographieeluaten erhalten  
20 und durch HPLC gemäss Beispiel 5 weiter aufgetrennt worden  
waren, zwei Banden von 55 kD und 51 kD sowie drei schwächere  
Banden von 38 kD, 36 kD und 34 kD erhalten. Diese Banden  
wurden in einem Mini Trans Blot System (BioRad, Richmond,  
California, USA) elektrophoretisch während 1 Stunde bei  
25 100 V in 25 mM Tris, 192 mM Glycin, 20% Methanol auf eine  
PVDF-Membran (Immobilon, Millipore, Bedford, Mass. USA)  
transferiert. Danach wurde die PVDF-Membran entweder mit  
0,15% Serva-Blau (Serva, Heidelberg, BRD) in Methanol/Was-  
ser/Eisessig (50/40/10 Volumenteile) auf Protein gefärbt  
30 oder mit entfettetem Milchpulver blockiert und anschliessend  
zum Nachweis von Banden mit  $^{125}\text{I}$ -  
-TNF $\alpha$  gemäss den in Beispiel 1 beschriebenen Filtertest-  
bedingungen inkubiert. Dabei zeigte sich, dass alle in der  
Proteinfärbung zur Darstellung gelangten Banden spezifisch  
35 TNF $\alpha$  banden. Alle diese Banden banden im Western Blot nach  
Towbin et al. [38] auch den gemäss Beispiel 3 hergestellten  
monoklonalen Anti-55kD-TNF-BP-Antikörper. Dabei wurde ein

gemäss dem in Beispiel 1 beschriebenen Verfahren mit  
Na<sup>125</sup>I radioaktiv markierter, affinitätsgereinigter  
(Mausimmunglobulin-Sepharose-4B-Affinitätssäule)  
Kaninchen-anti-Maus-Immunoglobulin-Antikörper zum  
5 autoradiographischen Nachweis dieses Antikörpers eingesetzt.

Proben, die gemäss Beispiel 4 durch zweimalige TNF- $\alpha$ -  
-Ligandenaffinitätschromatographie des Durchlaufs der Immun-  
affinitätschromatographie erhalten und durch HPLC gemäss  
10 Beispiel 5 weiter aufgetrennt worden waren, zeigten unter  
den oben spezifizierten SDS-PAGE- und Blottransfer-Be-  
dingungen zwei zusätzliche Banden von 75 kD und 65 kD, die  
beide im Filtertest (Beispiel 1) spezifisch TNF banden. Im  
Western Blot gemäss Towbin et al. (s.o.) reagierten die  
15 Proteine dieser beiden Banden nicht mit dem gemäss Beispiel  
3 hergestellten anti-(55 kD TNF-BP)-Antikörper. Sie reagier-  
ten allerdings mit einem monoklonalen Antikörper, der  
ausgehend von der 75 kD-Bande (anti-75 kD TNF-BP-Antikörper)  
gemäss Beispiel 3 erzeugt worden war.

20

Beispiel 7

Aminosäuresequenzanalyse

25 Zur Aminosäuresequenzanalyse wurden die gemäss Beispiel  
5 erhaltenen und gemäss Filtertest (Beispiel 1) aktiven  
Fraktionen mittels der in Beispiel 6 beschriebenen, nun  
jedoch reduzierenden, SDS-PAGE Bedingungen (SDS-Probenpuffer  
mit 125 mM Dithiothreitol) aufgetrennt. Es wurden die  
30 gleichen Banden wie gemäss Beispiel 6 gefunden, die aller-  
dings auf Grund der reduzierenden Bedingungen der SDS-PAGE  
im Vergleich zu Beispiel 6 alle um etwa 1-2 kD höhere  
Molekulargewichte zeigten. Diese Banden wurden dann gemäss  
Beispiel 6 auf PVDF-Membranen übertragen und mit 0,15%  
35 Serva-Blau in Methanol/Wasser/Eisessig (50/40/10 Volumen-  
teile) während 1 Minute gefärbt, mit Methanol/Wasser/Eis-  
essig (45/48/7 Volumenteile) entfärbt, mit Wasser gespült,

luftgetrocknet und danach ausgeschnitten. Bei sämtlichen Schritten wurden zur Vermeidung von N-terminaler Blockierung die von Hunkapiller [34] angegebenen Bedingungen eingehalten. Zunächst wurden die gereinigten TNF-BP unverändert 5 zur Aminosäuresequenzierung eingesetzt. Um zusätzliche Sequenzinformation zu erhalten, wurden die TNF-BP nach Reduktion und S-Carboxymethylierung [Jones, B.N. (1986) in "Methods of Protein Microcharacterisation", J.E. Shively, ed., Humana Press, Clifton NJ, 124-125] mit Bromcyan (Tarr, 10 G.E. in "Methods of Protein Microcharacterisation", 165-166, op.cit.). Trypsin und/oder Proteinase K gespalten und die Peptide mittels HPLC nach bekannten Methoden der Proteinchemie aufgetrennt. So vorbereitete Proben wurden dann in einem automatisierten Gasphasen-Mikrosequenzier-Gerät 15 (Applied Biosystems Modell 470A, ABI, Foster City, Calif., USA) mit einem on-line nachgeschalteten automatisierten HPLC PTH-Aminosäureanalysator (Applied Biosystems Modell 120, ABI s.o.) sequenziert, wobei die folgenden Aminosäuresequenzen bestimmt wurden:

20 1.. Für die 55 kD-Bande (gemäss nichtreduzierender SDS-PAGE):  
Leu-Val-Pro-His-Leu-Gly-Asp-Arg-Glu-Lys-Arg-Asp-Ser-Val-  
Cys-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln-X-Asn-Ser-Ile,  
und

25 2.. Ser-Thr-Pro-Glu-Lys-Glu-Gly-Glu-Leu-Glu-Gly-Thr-Thr-Thr-  
Lys  
wobei X für einen Aminosäurerest steht, der nicht bestimmt werden konnte.

30 3.. Für die 51 kD und die 38 kD-Banden (gemäss nichtreduzierender SDS-PAGE):  
Leu-Val-Pro-His-Leu-Gly-Asp-Arg-Glu

35 4.. Für die 65 kD-Bande (gemäss nichtreduzierender SDS-PAGE):  
Bei der N-terminalen Sequenzierung der 65 kD Bande wurden bis zum 15. Rest ohne Unterbrechung zwei parallele Sequenzen ermittelt. Da eine der beiden

# ÜBUNG 10

- 26 -

Sequenzen einer Teilsequenz des Ubiquitins [36,37] entsprach, wurde für die 65 kD-Bande die folgende Sequenz abgeleitet:

5 Leu-Pro-Ala-Gln-Val-Ala-Phe-X-Pro-Tyr-Ala-Pro-Glu-Pro-Gly-Ser-Thr-Cys.

wobei X für einen Aminosäurerest steht, der nicht bestimmt werden konnte.

10 Weitere Peptidsequenzen für 75(65)kDa-TNF-BP wurden bestimmt:

Ile-X-Pro-Gly-Phe-Gly-Val-Ala-Tyr-Pro-Ala-Leu-Glu und

15 Ser-Gln-Leu-Glu-Thr-Pro-Glu-Thr-Leu-Leu-Gly-Ser-Thr-Glu-Glu-Lys-Pro-Leu

und

Val-Phe-Cys-Thr

und

20 Asn-Gln-Pro-Gln-Ala-Pro-Gly-Val-Glu-Ala-Ser-Gly-Ala-Gly-Glu-Ala

und

Leu-Cys-Ala-Pro

und

25 Val-Pro-His-Leu-Pro-Ala-Asp

und

Gly-Ser-Gln-Gly-Pro-Glu-Gln-Gln-X-X-Leu-Ile-X-Ala-Pro

wobei X für einen Aminosäurerest steht, der nicht bestimmt werden konnte.

## Beispiel 8

### Bestimmung von Basen-Sequenzen von komplementärer DNA (cDNA)

35

Ausgehend von der Aminosäuresequenz gemäss Formel IA wurden unter Berücksichtigung des genetischen Codes zu den

Aminosäureresten 2-7 und 17-23 entsprechende, vollständig degenerierte Oligonucleotide in geeigneter Komplementarität synthetisiert ("sense" and "antisense" Oligonucleotide).  
Totale zelluläre RNA wurde aus HL60-Zellen isoliert [42, 5 43], und der erste cDNA-Strang durch Oligo-dT-Priming oder durch Priming mit dem "antisense" Oligonucleotid mittels eines cDNA-Synthese-Kits (RPN 1256, Amersham, Amersham, England) gemäss der Anleitung des Herstellers synthetisiert.  
Dieser cDNA-Strang und die beiden synthetisierten degenerierten 10 "sense" und "anti-sense" Oligonucleotide wurden in einer Polymerase-Kettenreaktion (PCR, Perkin Elmer Cetus, Norwalk, CT, USA gemäss Anleitung des Herstellers) dazu verwendet, die für die Aminosäure-Reste 8-16 (Formel IA) codierende Basesequenz als cDNA-Fragment zu synthetisieren.  
15 Die Basensequenz dieses cDNA-Fragments lautet:  
5'-AGGGAGAAGAGAGATAGTGTGTCCC-3'. Dieses cDNA-Fragment wurde als Probe verwendet, um nach bekannten Verfahren einen für das 55 kD TNF-BP codierenden cDNA-Klon in einer λgt11-cDNA-Genbank von menschlicher Placenta zu identifizieren (42,43). Dieser Klon wurde dann nach üblichen Methoden aus dem λ-Vektor geschnitten und in die Plasmide pUC18 (Pharmacia, Uppsala, Sweden) und pUC19 (Pharmacia, Uppsala, Sweden) und in die M13mp18/M13mp19 Bacteriophagen (Pharmacia, Uppsala, Sweden) kloniert (42,43). Die Nukleotidsequenz dieses cDNA-Klons wurde mit einem Sequenase-Kit 20 (U.S. Biochemical, Cleveland, Ohio, USA) nach den Angaben des Herstellers bestimmt. Die Nukleotidsequenz und die daraus abgeleitete Aminosäuresequenz für das 55 kD TNF-BP und dessen Signalpeptid (Aminosäure "-28" bis Aminosäure 25 "0") ist in Figur 1 mittels der im Stand der Technik üblichen Abkürzungen für Basen wie Aminosäuren dargestellt. Aus Sequenzvergleichen mit anderen, bereits bekannten Rezeptorproteinsequenzen lassen sich ungefähr 180 Aminosäuren enthaltende N-terminale wie 220 Aminosäure 30 enthaltende C-terminale Domänen, die von einer nach den Sequenzvergleichen typischen Transmembran-Region von 19 Aminosäuren (in Figur 1 unterstrichen) getrennt werden.

# COD 670-1C M

- 28 -

bestimmen. Hypothetische Glykosylierungsstellen sind in Figur 1 durch Sterne über der entsprechenden Aminosäure gekennzeichnet.

5 Im Wesentlichen analoge Techniken wurden dazu eingesetzt. 75/65 kD TNF-BP codierende partielle cDNA-Sequenzen zu identifizieren, wobei allerdings in diesem Fall genomische humane DNA und von Peptid IIA abgeleitete, vollständig degenerierte 14-mere und 15-mere "sense" und "antisense" Oligonucleotide verwendet wurden, um eine primäre, 26 bp cDNA-Probe in einer Polymerase-Kettenreaktion herzustellen. Diese cDNA-Probe wurde dann dazu verwendet, in einer HL-60 cDNA-Bibliothek cDNA-Klone von verschiedener Länge zu identifizieren. Diese cDNA-Bibliothek 10 wurde mittels isolierter HL60 RNA und einem cDNA-Klonierungskit (Amersham) nach den Angaben des Herstellers 15 hergestellt. Partielle Sequenzen dieser cDNA-Klone sind in Figur 4 dargestellt.

20

## Beispiel 9

### Expression in COS 1-Zellen

Für die Expression in COS-Zellen wurden Vektoren 25 ausgehend von dem Plasmid "pN11" konstruiert. Das Plasmid "pN11" enthält den effizienten Promotor und Enhancer des "major immediate-early" Gens des menschlichen Cytomegalovirus ("HCMV"; Boshart et al., Cell 41, 521-530, 1985). Hinter dem Promotor befindet sich eine kurze DNA-Sequenz, 30 welche mehrere Restriktionsschnittstellen enthält, die nur einmal im Plasmid vorkommen ("Polylinker"), u.a. die Schnittstellen für HindIII, BamHI und PvuII (siehe Sequenz).

35

### PvuII

5' -AAGCTTGGCCAGGATCCAGCTGACTGACTGATCGCGAGATC-3'  
3' -TTCGAACCGGTCTAGGTCGACTGACTGACTAGCGCTCTAG-5'

Hinter diesen Schnittstellen befinden sich drei Translations-Stopcodons in allen drei Leserastern. Hinter der Polylinkersequenz befindet sich das 2. Intron und das Polyadenylierungssignal des Präproinsulingens der Ratte (Lomedico et al., Cell 18, 545-558, 1979). Das Plasmid enthält ferner den Replikationsursprung des SV40 Virus sowie ein Fragment aus pBR322, das E. coli-Bakterien Ampicillin-Resistenz verleiht und die Replikation des Plasmids in E. coli ermöglicht.

10 Zur Konstruktion des Expressionsvektors "pN123" wurde dieses Plasmid "pN11" mit der Restriktionsendonuklease PvuII geschnitten und anschliessend mit alkalischer Phosphatase behandelt. Der dephosphorylierte Vektor wurde danach aus einem Agarosegel isoliert (V1). Die 5'-überhängenden Nukleotide des EcoRI-geschnittenen 1,3kb-Fragments der 55 kD TNF-BP-cDNA (siehe Beispiel 8) wurden mit Hilfe von Klenow-Enzym aufgefüllt. Anschliessend wurde dieses Fragment aus einem Agarosegel isoliert (F1). Danach wurden V1 und F1 mittels T4-Ligase miteinander verbunden. E. coli HB101-Zellen wurden dann mit diesem Ligierungsansatz nach bekannten Methoden [42] transformiert. Mit Hilfe von Restriktionsanalysen und DNA-Sequenzierung nach bekannten Methoden [42] wurden Transformanten identifiziert, die mit einem Plasmid transformiert worden waren, welches das 1.3kb EcoRI-Fragment der 55 kD TNF-BP-cDNA in der für die Expression über den HCMV-Promotor korrekten Orientierung enthielt. Dieser Vektor erhielt die Bezeichnung "pN123".

Zur Konstruktion des Vektors "pK19" wurde folgendermassen verfahren. Ein DNA-Fragment, welches nur die für den extrazellulären Teil des 55 kD TNF-BP codierende cDNA enthält (Aminosäuren -28 bis 182 gemäss Figur 1) wurde mittels PCR-Technologie erhalten (Saiki et al., Science 230, 1350-1354, 1985, siehe auch Beispiel 8). Die folgenden Oligonukleotide wurden, um die für den extrazellulären Teil des 55 kD TNF-BP codierende cDNA aus "pN123" zu amplifizieren, verwendet:

# Oligonukleotide

- 30 -

## BAMHI

5'-CACAGGGATCCATAGCTGTCTGGCATGGGCCTCTCCAC-3'

## ASP718

5 3'-CGTGACTCCTGAGTCCGTGGTATTATCTCTAGACCATGGCCC-5'

Durch diese Oligonukleotide wurden ebenfalls zwei Stopkodons der Translation hinter Aminosäure 182 eingeführt. Das so amplifizierte DNA-Fragment wurde mit BamHI und Asp718 geschnitten, die hierbei entstandenen überstehenden Enden mit Hilfe des Klenow-Enzyms aufgefüllt und dieses Fragment anschliessend aus einem Agarosegel isoliert (F2). F2 wurde dann mit V1 ligiert und der gesamte Ansatz zur Transformation von *E. coli* HB101, wie bereits beschrieben, verwendet. Transformanten, die mit einem Plasmid transformiert worden waren, welches das DNA-Fragment in der für die Expression über den HCMV-Promotor korrekten Orientierung enthielten, wurden mittels DNA-Sequenzierung (s.o.) identifiziert. Das daraus isolierte Plasmid erhielt die Bezeichnung "pK19".

20 Transfektion der COS-Zellen mit den Plasmiden "pN123" oder "pK19" wurde nach der von Felgner et al. veröffentlichten Lipofections-Methode (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84, 7413-7417, 1987) durchgeführt. 72 Stunden nach erfolgter 25 Transfektion wurden die mit "pN123" transfizierten Zellen nach bekannten Methoden mit <sup>125</sup>I-TNF $\alpha$  auf Bindung analysiert. Das Resultat der Scatchard-Analyse [Scatchard, G., Ann. N.Y. Acad. Sci. 51, 660, 1949] der so erhaltenen Bindungsdaten (Figur 2A) ist in Figur 2B dargestellt. Die 30 Kulturüberstände der mit "pK19" transfizierten Zellen wurden in einem "Sandwich"-Test untersucht. Dazu wurden PVC-Microtiterplatten (Dynatech, Arlington, VA, USA) mit 100  $\mu$ l/Loch eines Kaninchen-anti-Maus Immunglobulins (10  $\mu$ g/ml PBS) sensibilisiert. Anschliessend wurde die 35 Platte gewaschen und mit einem anti-55 kD TNF-BP-Antikörper, der gemäss Beispiel 3 durch seine Antigenbindung nachgewiesen und isoliert wurde, der aber die TNF-Bindung an

Zellen nicht inhibiert, inkubiert (3 Stunden, 20°C). Die Platte wurde dann wieder gewaschen und über Nacht bei 4°C mit 100 µl/Loch der Kulturüberstände (1:4 verdünnt mit 1% entfetteter Milchpulver enthaltendem Puffer A: 50 mM Tris/HCl pH 7.4, 140 mM NaCl, 5 mM EDTA, 0,02% Na-Azid) inkubiert. Die Platte wurde entleert und mit <sup>125</sup>I-TNF $\alpha$  enthaltendem Puffer A ( $10^6$  cpm/ml, 100 µl/Loch) mit oder ohne Zusatz von 2 µg/ml unmarkiertem TNF während 2 Stunden bei 4°C inkubiert. Danach wurde die Platte 4 mal mit PBS gewaschen, die einzelnen Löcher wurden ausgeschnitten und in einem  $\gamma$ -Zähler gemessen. Die Resultate von 5 parallelen Transfektionen (Säulen # 2, 3, 4, 6 und 7), von zwei Kontroll-Transfektionen mit dem pN11-Vektor (Säulen # 1, 5) und von einer Kontrolle mit HL60-Zell-Lysat (Säule # 8) sind in Figur 3 dargestellt.

Beispiel 10

Expression in Insektenzellen

Für die Expression in einem Baculovirus-Expressionsystem wurde von dem Plasmid "pVL941" (Luckow und Summers, 1989, "High Level Expression of Nonfused Foreign Genes with *Autographa californica* Nuclear Polyhedrosis virus Expression Vectors", *Virology* 170, 31-39) ausgegangen und dieses folgendermassen modifiziert. Es wurde die einzige EcoRI-Restriktionsschnittstelle in "pVL941" entfernt, indem das Plasmid mit EcoRI geschnitten und die überstehenden 5'-Enden mit Klenow-Enzym aufgefüllt wurden. Das hieraus erhaltene Plasmid pVL941/E- wurde mit BamHI und Asp718 verdaut und der Vektorrumpf anschliessend aus einem Agarosegel isoliert. Dieses Fragment wurde mit einem synthetischen Oligonukleotid der folgenden Sequenz ligiert:

35	BamHI	EcoRI	Asp718
	5' - GATCCAGAATTCTATAATAG	- 3'	
	3' - GTCTTAAGTATTATCCATG	- 5'	

# DNB-DNA

- 32 -

E. coli HB101 wurde mit dem Ligierungsansatz transformiert und Transformanten, die ein Plasmid enthielten, in welches das Oligonukleotid korrekt eingebaut worden war, wurden durch Restriktionsanalyse und DNA-Sequenzierung nach 5 bekannten Methoden (s.o.) identifiziert; dieses Plasmid wurde "pNR704" genannt. Zur Konstruktion des Transfervektors "pN113" wurde dieses Plasmid "pNR704" mit EcoRI geschnitten, mit alkalischer Phosphatase behandelt und der so erzeugte Vektorrumpf (V2) anschliessend aus einem Agarosegel isoliert. Das wie oben mit EcoRI geschnittene 1,3 kb-Fragment der 55 kD TNF-BP-cDNA wurde mit Fragment V2 ligiert. Mit 10 diesem Ligierungsansatz erhaltene Transformanten, die ein Plasmid enthielten, welches das cDNA-Insert in der korrekten Orientierung für die Expression über den Polyhedrinpromotor 15 enthielten, wurden identifiziert (s.o.). Der daraus isolierte Vektor erhielt die Bezeichnung "pN113".

Zur Konstruktion des Transfervektors "pN119" wurde folgendermassen vorgegangen. Das 1,3 kb EcoRI/EcoRI-Fragment 20 der 55 kD TNF-BP cDNA in dem "pUC19"-Plasmid (siehe Beispiel 8) wurde mit BanI verdaut und mit dem folgenden synthetischen Oligonukleotid ligiert:

	BanI	Asp718
25	5' - GCACCACTATAATAGAGATCTGGTACCGGGAA - 3'	
	3' - GTGTATTATCTCTAGACCATGGCCC - 5'	

Mit dem obigen Adaptor werden zwei Stopcodons der Translation hinter Aminosäure 182 und eine Schnittstelle für 30 die Restriktionsendonuklease Asp718 eingebaut. Nach erfolgter Ligation wurde der Ansatz mit EcoRI und Asp718 verdaut und das partielle 55 kD TNF-BP-Fragment (F3) isoliert. Weiterhin wurde das ebenfalls mit Asp718 und EcoRI geschnittene Plasmid "pNR704" mit F3 ligiert und der Ligierungsansatz in E. coli HB101 transformiert. Die Identifikation der Transformanten, welche ein Plasmid enthielten, in 35 das die partielle 55 kD TNF-BP cDNA korrekt für die Express-

sion integriert worden war, erfolgte wie bereits beschrieben. Das aus diesen Transformanten isolierte Plasmid erhielt den Namen "pN119".

5        Zur Konstruktion des Transfervektors "pN124" wurde folgendermassen vorgegangen. Das in Beispiel 9 beschriebene, für den extrazellulären Teil des 55 kD TNF-BP codierende cDNA-Fragment wurde mit den angegebenen Oligonukleotiden mit Hilfe der PCR-Technologie, wie in Beispiel 9 beschrieben, 10 amplifiziert. Dieses Fragment wurde mit BamHI und Asp718 geschnitten und aus einem Agarosegel isoliert (F4). Das Plasmid "pNR704" wurde ebenfalls mit BamHI und Asp718 geschnitten und der Vektorrumpf (V4) wurde isoliert (s.o.). Die Fragmente V4 und F4 wurden ligiert. E. coli HB101 damit 15 transformiert und der rekombinante Transfervektor "pN124" wurde, wie beschrieben, identifiziert und isoliert.

Zur Transfektion der Insektenzellen wurde folgendermassen vorgegangen. 3 µg des Transfervektors "pN113" 20 wurden mit 1 µg DNA des *Autographa californica*-Nuklear-polyhedrosisvirus (AcMNPV) (EP 127839) in Sf9-Zellen (ATCC CRL 1711) transfektiert. Polyhedrin negative Viren wurden identifiziert und aus "Plaques" gereinigt [52]. Mit diesen 25 rekombinanten Viren wurden wiederum Sf9 Zellen wie in [52] beschrieben, infiziert. Nach 3 Tagen in Kultur wurden die infizierten Zellen auf Bindung von TNF mittels <sup>125</sup>I-TNF $\alpha$  untersucht. Dazu wurden die transfektierten Zellen mit einer Pasteurpipette von der Zellkulturschale abgewaschen und bei einer Zelldichte von  $5 \times 10^6$  Zellen/ml Kulturmedium [52]. 30 das 10 ng/ml <sup>125</sup>I-TNF $\alpha$  enthielt, sowohl in Anwesenheit wie Abwesenheit von 5 µg/ml nichtmarkiertem TNF $\alpha$  resuspendiert und 2 Stunden auf Eis inkubiert. Danach wurden die Zellen mit reinem Kulturmedium gewaschen und die zellgebundene Radioaktivität in einem  $\gamma$ -Zähler gezählt (siehe 35 Tabelle 2).

# DE-30-ICM

- 34 -

Tabelle 2

Zellen	Zellgebundene Radioaktivität pro $10^6$ Zellen
nichtinfizierte Zellen (Kontrolle)	60 cpm
infizierte Zellen	$1600 \pm 330$ cpm <sup>1)</sup>

<sup>1)</sup> Mittelwert und Standardabweichung aus 4 Experimenten

15

20

25

30

35

Literatur

1. G.E. Nedwin, S.L. Naylor, A.Y. Sakaguchi, D. Smith, J. Jarrett-Nedwin, D. Pennica, D.V. Goeddel and P.W. Gray:  
5 Nucl. Acids Res. 13, 6361, 1985
2. B. Beutler and A. Cerami: New England J. Med. 316, 379, 1987
3. L.J. Old: Science 230, 630, 1985
4. G. Trinchieri, M. Kobayashi, M. Rosen, R. Loudon, M.  
10 Murphy and B. Perussia: J. exp. Med. 164, 1206, 1986
5. J. Vilcek, V.J. Palombella, D. Henriksen-de Stefano, C.  
Swenson, R. Feinman, M. Hirai and M. Tsujimoto: J. exp.  
Med. 163, 632, 1986
6. B.J. Sugarmann, B.B. Aggarwal, P.E. Hass, I.S. Figari,  
15 M.A. Palladino and H.M. Shepard: Science 230, 943, 1985
7. J.R. Gamble, J.M. Harlan, S.J. Klebanoff and M.A. Vadas:  
Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 8667, 1985
8. N. Sato, T. Goto, K. Haranaka, N. Satomi, H. Nariuchi,  
Y. Mano and Y. Sawasaki: J. Natl. Cancer Inst. 76, 1113,  
20 1986
9. A.H. Stolpen, E.C. Guinan, W. Fiers and J.S. Pober: Am.  
J. Pathol. 123, 16, 1986
10. J.S. Pober, L.A. Lapierre, A.H. Stolpen, T.A. Brock,  
T.A. Springer, W. Fiers, M.P. Bevilacqua, D.L. Mendrick  
25 and M.A. Gimbrone: J. Immunol. 138, 3319, 1987
11. M. Kawakami, P. Pekala, M. Lane and A. Cerami: Proc.  
Natl. Acad. Sci. USA 79, 912, 1982
12. T. Collins, L.A. Lapierre, W. Fiers, J.L. Strominger and  
J.S. Pober: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83, 446, 1986
- 30 13. G.H.W. Wong and D.V. Goeddel: Nature 323, 819, 1986
14. J.W. Lowenthal, D.W. Ballard, E. Böhnlein and W.C.  
Greene: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86, 2331, 1989
15. M.J. Lenardo, C.M. Fan, T. Maniatis and D. Baltimore:  
Cell 57, 287, 1989
- 35 16. A.E. Goldfeld and T. Maniatis: Proc. Natl. Acad. Sci.  
USA 86, 1490, 1989

# DE-600-1C H

- 36 -

17. A. Waage, A. Halsteuren and T. Espevik: Lancet, Febr. 14, 1987, 355.
18. C.O. Jacob and H.O. McDevitt: Nature 331, 356, 1988
19. G.E. Grau, L.F. Fajardo, P. Piguet, B. Allet, P. Lambert  
5 and P. Vassalli: Science 237, 1210, 1987
20. B. Beutler, I.W. Milsark and A.C. Cerami: Science 229, 869, 1985
21. B.B. Aggarwal, T.E. Eessalu and P.E. Hass: Nature 318, 665, 1985
- 10 22. M. Tsujimoto, Y.K. Yip and J. Vilcek: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 7626, 1985
23. C. Baglioni, S. McCandless, J. Tavernier and W. Fiers: J. Biol. Chem. 260, 13395, 1985
24. P. Hohmann, R. Remy, M. Brockhaus and A.P.G.M. van Loon:  
15 J. Biol. Chem., im Druck
25. F.C. Kull, S. Jacobs and P. Cuatrecasas: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 5756, 1985
26. A.A. Creasy, R. Yamamoto and Ch.R. Vitt: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84, 3293, 1987
- 20 27. G.B. Stauber, R.A. Aiyer and B.B. Aggarwal: J. Biol. Chem. 263, 19098, 1988
28. K. Hirano, K. Yamamoto, Y. Kobayashi and T. Osawa: J. Biochem. 105, 120, 1989
29. Y. Niitsu, N. Watanabe, H. Sone, H. Neda, N. Yamauchi,  
25 M. Maeda and I. Urushizaki: J. Biol. Resp. Modifiers 7, 276, 1988
30. I. Olsson, A. Grubb, U. Gullberg, M. Lantz, E. Nilsson, C. Peetre and H. Thysell: Abstract, 2nd Intern. Conference on Tumor Necrosis Factor and Related Cytokines, Napa, California, 15.-20. Januar 1989
31. H.R. Lötscher and M. Brockhaus: Abstract, 2nd Intern. Conference on Tumor Necrosis Factor and Related Cytokines, Napa, California, 15.-20. Januar 1989
32. M. Brockhaus, H. Lötscher, H.-P. Hohmann und  
35 W. Hunziker: Abstract, 2nd Intern. Conference on Tumor Necrosis Factor and Related Cytokines, Napa, California, 15.-20. Januar 1989

M 01-00-90

- 37 -

33. C.R. Cantor and P.R. Schimmel, in *Biophysical Chemistry*, W.H. Freeman, ed., San Francisco, 1980, p. 850
34. M.W. Hunkapiller, E. Lujan, F. Ostrander, L.E. Hood: *Methods Enzymol.* 91, 227, 1983
- 5 35. U.K. Lämmli: *Nature* 227, 680, 1970
36. T.St. John, W.M. Gallatin, M. Siegelman, H.T. Smith, V.A. Fried and I.L. Weissman: *Science* 231, 845, 1986
37. M. Siegelman, M.W. Bond, W.M. Gallatin, T.St. John, H.T. Smith, V.A. Fried and I.L. Weissman: *Science* 231, 823, 10 1986
38. H. Towbin, T. Staehelin and J. Gordon: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76, 4350, 1979
39. Dinarello, Ch.A., in *Lymphokines*, Vol. 14, E. Pick, ed., p. 1, Academic Press, London, 1987
- 15 40. D.J. Merchant, R.H. Kahn and W.H. Murphy: *Handbook of Cell and Organ Culture*, Burgess Publ. Co., Minneapolis, 1969
41. G.E. Grau, T.E. Taylor, M.E. Molyneux, J.J. Wirima, P. Vassalli, M. Hommel and P. Lambert: *New Engl. J. Med.* 320, 1586, 1989
- 20 42. J. Sambrook, E.F. Fritsch and T. Maniatis: *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989
- 25 43. F.M. Ausubel, R. Brent, R.E. Kingston, D.D. Moore, J.A. Smith, J.G. Seidman and K. Struhl: *Current Protocols in Molecular Biology 1987-1988*, S. Wiley and Sons, New York, 1987
44. E. Harlow and D. Lane: *Antibodies, A Laboratory Manual*, 30 Cold Spring Harbor Laboratory Publications, New York, 1988
45. S.Fazekas de St. Groth and D. Scheidegger: *J. Immunol. Methods* 35, 1, 1980
46. D. Pennica and D.V. Goeddel, in *Lymphokines*, Vol. 13, 35 D.R. Webb and D.V. Goeddel, eds. p. 163, Academic Press, London, 1987

# DE-80-10 M

- 38 -

47. J. Tavernier, L. Franzen, A. Marmenout, J. van der Heyden, R. Muller, M. Ruysschaert, A. van Vliet, R. Banden and W. Fiers, in *Lymphokines*, Vol. 13, D.R. Webb and D.V. Goeddel, eds., p. 181, Academic Press, London
- 5 48. P.J. Fraker and J.C. Speck: *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 80, 849, 1987
49. D.H. Erlich, D.H. Gelfand, R.K. Saiki: *Nature* 331, 61, 1988
50. Bosserhoff, J. Wallach and R.W. Frank: *J. Chromatogr.* 473, 71, 1989
- 10 51. R. Lathe: *J. Mol. Biol.* 183, 1, 1985
52. Luckow and Summers, "A Manual of Methods for Baculovirus Vectors and Insect Cell Culture Procedures", Texas Agricultural Experimental Station, Texas A & M University, Bulletin Nr. 1555, 2nd edition, 1988
- 15

20

25

30

35

Patentansprüche

1. Nichtlösliche Proteine und lösliche oder nicht-lösliche Fragmente davon, die TNF binden, in homogener Form,  
5 sowie deren physiologisch verträgliche Salze.

2. Verbindungen gemäss Anspruch 1, die durch Molekulargewichte gemäss SDS-PAGE unter nichtreduzierenden Bedingungen von etwa 55 kD und 75 kD charakterisiert sind.

10 3. Verbindungen gemäss einem der Ansprüche 1 und 2, die wenigstens eine der folgenden Aminosäuresequenzen enthalten:

15 Leu-Val-Pro-His-Leu-Gly-Asp-Arg-Glu-Lys-Arg-Asp-Ser-Val-Cys-  
Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln-X-Asn-Ser-Ile;

Ser-Thr-Pro-Glu-Lys-Glu-Gly-Glu-Leu-Glu-Gly-Thr-Thr-Thr-Lys;

20 Leu-Pro-Ala-Gln-Val-Ala-Phe-X-Pro-Tyr-Ala-Pro-Glu-Pro-  
Gly-Ser-Thr-Cys;

Ile-X-Pro-Gly-Phe-Gly-Val-Ala-Tyr-Pro-Ala-Leu-Glu;

25 Ser-Gln-Leu-Glu-Thr-Pro-Glu-Thr-Leu-Leu-Gly-Ser-Thr-Glu-  
Glu-Lys-Pro-Leu;

Val-Phe-Cys-Thr;

30 Asn-Gln-Pro-Gln-Ala-Pro-Gly-Val-Glu-Ala-Ser-Gly-Ala-Gly-  
Glu-Ala;

Leu-Cys-Ala-Pro;

35 Val-Pro-His-Leu-Pro-Ala-Asp;  
Gly-Ser-Gln-Gly-Pro-Glu-Gln-Gln-X-X-Leu-Ile-X-Ala-Pro

# DE-30-10 H

- 40 -

wobei X für einen nicht bestimmten Aminosäurerest steht.

4. Ein Verfahren zur Isolierung einer Verbindung gemäss einem der Ansprüche 1-3, dadurch gekennzeichnet, dass man im wesentlichen die folgenden Reinigungsschritte nacheinander ausführt: Herstellung eines Zellextraktes, Immunaffinitätschromatographie und/oder ein- oder mehrfache Ligandenaffinitätschromatographie, HPLC und préparative SDS-PAGE.

10 5. Pharmazeutische Präparate, dadurch gekennzeichnet, dass sie eine oder mehrere Verbindung(en) gemäss einem der Ansprüche 1-3, gewünschtenfalls in Kombination mit weiteren pharmazeutisch wirksamen Substanzen und/oder nicht-toxischen, inertien, therapeutisch verträglichen Trägermaterialien  
15 enthalten.

6. Verwendung einer Verbindung gemäss einem der Ansprüche 1-3 zur Herstellung pharmazeutischer Präparate bzw. zur Behandlung von Krankheiten, bevorzugt solchen, bei  
20 denen TNF involviert ist.

7. Gegen eine Verbindung gemäss Ansprüche 1-3 gerichtete Antikörper.

25 8. DNA-Sequenzen, die für Proteine und lösliche oder nichtlösliche Fragmente davon, die TNF binden, kodieren.

9. Von DNA-Sequenzen gemäss Anspruch 8 kodierte rekombinante Proteine.

30 10. Vektoren, die DNA-Sequenzen gemäss Anspruch 8 enthalten und zur Expression der von diesen DNA-Sequenzen kodierten Proteinen in prokaryotischen- wie eukaryotischen Wirtssystemen geeignet sind.

35

M 31-08-90

- 41 -

11. Prokaryotische- wie eukaryotische Wirtssysteme, die mit einem Vektor gemäss Anspruch 10 transformiert worden sind.

5        12. Ein Verfahren zur Herstellung von Verbindungen gemäss Anspruch 9, das dadurch gekennzeichnet ist, dass man ein wie in Anspruch 11 beanspruchtes transformiertes Wirtssystem in einem geeigneten Medium kultiviert und aus dem Wirtssystem selbst oder dem Medium solche Verbindungen  
10 isoliert.

\*\*\*

15

20

25

30

35

-185 GAATTGGGGGGTTCAAGATCACTGGACCAGGCCGTGATCTCTATGCCGAGTCTCAA  
-125 CCCTCAACTGTCAACCCAAAGGCACCTGGGACGTCTGGACAGACCGAGTCCCAGGAAGCC  
-65 CCAGCACTGCCGCTGCCACACTGCCCTGAGCCAAATGGGGAGTGAGAGGCCATAGCTG  
-28.  
-30 MetGlyLeuSerThrValProAspLeuLeuLeuProLeuValLeuLeuGluLeu  
-5 TCTGGCATGGGCCTCTCCACCGTGCCTGACCTGCTGCTGCCGCTGGTGCCTGGAGCTG  
-10 LeuValGlyIleTyrProSerGlyValIleGlyLeuValProHisLeuGlyAspArgGlu  
55 TTGGTGGGAATATAACCCCTCAGGGTTATTGGACTGGTCCCTCACCTAGGGACAGGGAG  
10 LysArgAspSerValCysProGlnGlyLysTyrIleHisProGlnAsnAsnSerIleCys  
115 AAGAGAGATAGTGTGTCCCCAAGGAAAATATATCCACCCCTAAATAATTGGATTTGC  
30 CysThrLysCysHisLysGlyThrTyrLeuTyrAsnAspCysProGlyProGlyGlnAsp  
175 TGTACCAAGTGCACAAAGGAACCTACTTGTACAATGACTGTCCAGGCCGGCAGGAT  
50 ThrAspCysArgGluCysGluSerGlySerPheThrAlaSerGluAsnHisLeuArgHis  
235 ACGGACTGCAGGGAGTGTGAGAGCGGCTCCTCACCGCTTCAGAAAACCACCTCAGACAC  
70 CysLeuSerCysSerLysCysArgLysGluMetGlyGlnValGluIleSerSerCysThr  
295 TGCCTCAGCTGCTCCAAATGCCAACAGGAAATGGGTAGGTGGAGATCTCTTGTGACA  
90 ValAspArgAspThrValCysGlyCysArgLysAsnGlnTyrArgHisTyrTrpSerGlu  
355 GTGGACCGGGACACCGTGTGGCTGCAGGAAGAACAGTACCGCATTATTGGAGTGAA  
110 AsnLeuPheGlnCysPheAsnCysSerLeuCysLeuAsnGlyThrValHisLeuSerCys  
415 AACCTTTCCAGTGCCTCAATTGCAGCCTCTGCCCTCAATGGGACCGTGCACCTCTCCTGC  
130 GlnGluLysGlnAsnThrValCysThrCysHisAlaGlyPhePheLeuArgGluAsnGlu  
475 CAGGAGAACAGAACACCGTGTGCACCTGCCATGCAGGTTCTTCTAAGAGAAACGAG  
150 CysValSerCysSerAsnCysLysLysSerLeuGluCysThrLysLeuCysLeuProGln  
535 TGTGTCTCCTGTAGTAACGTAAAGAAAGCCTGGAGTGCACGAAGTTGTGCCTACCCAG  
170 IleGluAsnValLysGlyThrGluAspSerGlyThrThrValLeuLeuProLeuValIle  
595 ATTGAGAATGTTAACGGCACTGAGGACTCAGGCACCACAGTGTGCCCCCTGGTCATT  
190 PhePheGlyLeuCysLeuLeuSerLeuLeuPheIleGlyLeuMetTyrArgTyrGlnArg  
655 TTCTTGGTCTTGCCTTTATCCCTCCTTCATTGGTTAACGTATCGCTACCAACGG  
210 TrpLysSerLysLeuTyrSerIleValCysGlyLysSerThrProGluLysGluGlyGlu  
715 TGGAAGTCCAAGCTCTACTCCATTGTTGTGGAAATCGACACCTGAAAAAGAGGGGGAG  
230 LeuGluGlyThrThrLysProLeuAlaProAsnProSerPheSerProThrProGly  
775 CTTGAAGGAACTACTAAAGCCCTGGCCCCAACCCAAAGCTTCAGTCCCACCTCAGGC  
250 PheThrProThrLeuGlyPheSerProValProSerSerThrPheThrSerSerThr  
835 TTCAACCCCCACCCCTGGCTTCAGTCCCAGTCCACCTTCACCTCCAGCTCCACC  
270 TyrThrProGlyAspCysProAsnPheAlaAlaProArgArgGluValAlaProProTyr  
895 TATACCCCCGGTGAATGTCCCAACTTGCCTGGCTCCCCCGCAGAGAGGTGGCACCACCTAT  
290 GlnGlyAlaAspProIleLeuAlaThrAlaLeuAlaSerAspProIleProAsnProLeu  
955 CAGGGGCTGACCCATCCTGGCAGGCCCTGCCGACCCCCATCCCCAACCCCTT

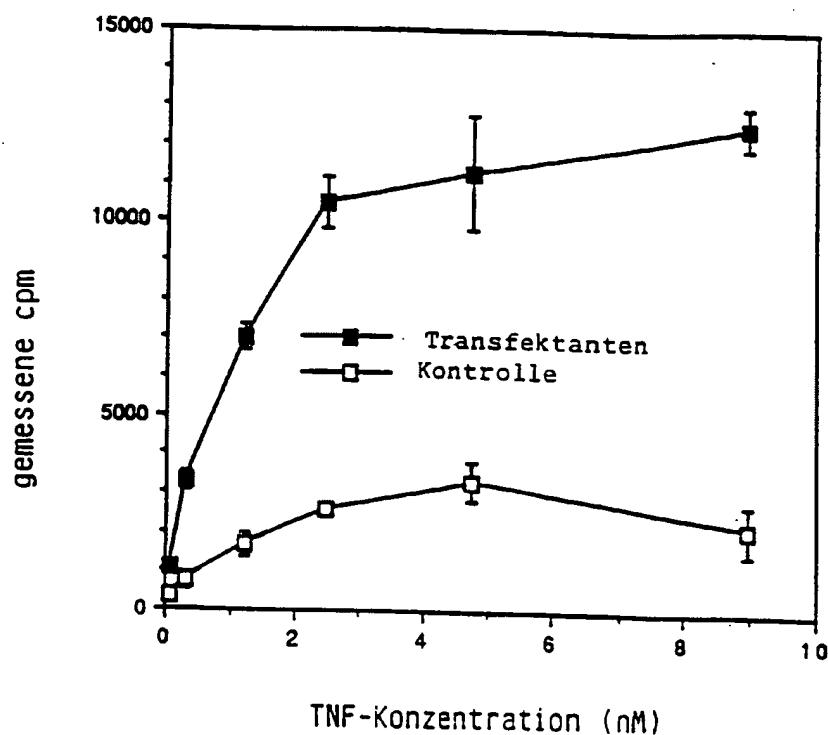
Unveränderliches Exemplar  
Exemplaria invariabila  
Exemplare immutabile

M 21.06.90  
Figur (Forts.)

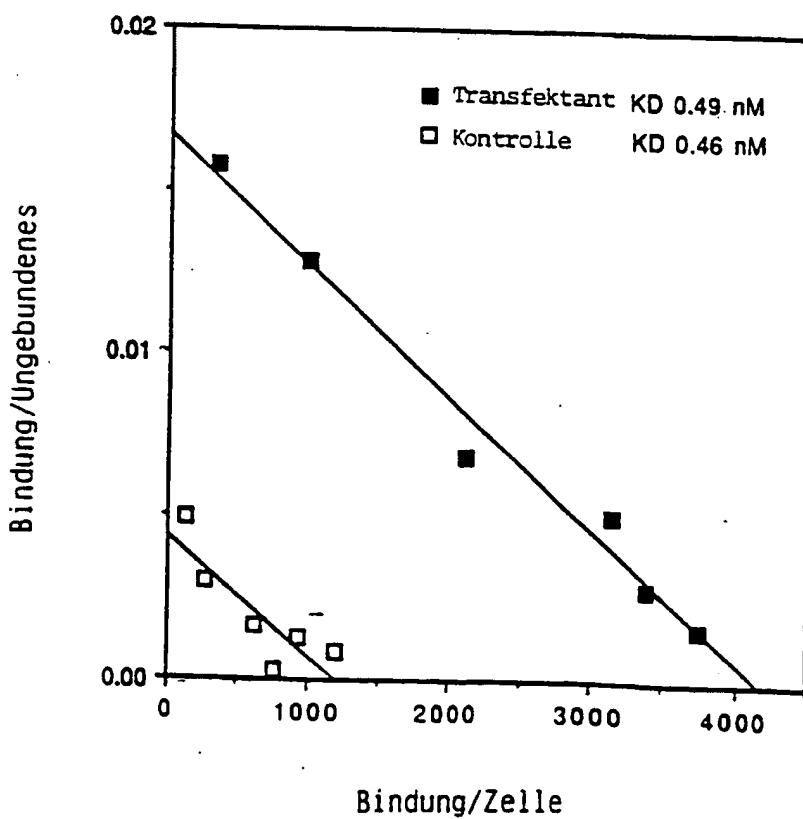
310 GlnLysTrpGluAspSerAlaHisLysProGlnSerLeuAspThrAspAspProAlaThr  
1015 CAGAAAGTGGGAGGACAGCGCCACAAGCCACAGACACTGATGACCCCGCGACG  
  
330 LeuTyrAlaValValGluAsnValProProLeuArgTrpLysGluPheValArgArgLeu  
1075 CTGTACGCCGTGGTGGAGAACGTGCCCTGGCTGGAAGGATTCTGTGCCGCCTA  
  
350 GlyLeuSerAspHisGluIleAspArgLeuGluLeuGlnAsnGlyArgCysLeuArgGlu  
1135 GGGCTGAGCGACCACGAGATCGATCGGCTGGAGCTGAGAACGGCGCTGCCGCGAG  
  
370 AlaGlnTyrSerMetLeuAlaThrTrpArgArgArgThrProArgArgGluAlaThrLeu  
1195 GCGCAATAACAGCATGCTGGCGACCTGGAGGCGCGCACGCCGCGCGAGGCCACGCTG  
  
390 GluLeuLeuGlyArgValLeuArgAspMetAspLeuLeuGlyCysLeuGluAspIleGlu  
1255 GAGCTGCTGGACGCGTGCTCCGCGACATGGACCTGCTGGCTGCCCTGGAGGACATCGAG  
  
410 GluAlaLeuCysGlyProAlaAlaLeuProProAlaProSerLeuLeuArg  
1315 GAGGCGCTTGCAGGGCCCCTCCCGCCCGCCAGTCTTCAGATGAGGCTGC  
1375 GCCCCTGCGGGCAGCTTAAGGACCGTCCTGCGAGATGCCCTCCAACCCACTTTTC  
1435 TGGAAAGGAGGGGTCTGCAGGGGCAAGCAGGAGCTAGCAGCCCTACTTGGTCTAAC  
1495 CCCTCGATGTACATAGCTTCAGCTGCCTGCGCGCCGACAGTCAGCGCTGTGCG  
1555 CGCGGAGAGAGGTGCGCGTGGCTCAAGAGCCTGAGTGGTGGTTGCGAGGAATGAGGG  
1615 ACGCTATGCCTCATGCCGTTTGGGTGCTCACCAGCAAGGCTGCTCGGGGCCCCCTG  
1675 GTTCGTCCCTGAGCCTTTTCACTGCTAAGCAGTTTTTTGTTTGTGTTTGT  
1735 GTTTGTTTTAAATCAATCATGTTACACTAATAGAAACCTGGCACTCCGTGCCCTCTG  
1795 CCTGGACAAGCACATAGCAAGCTGAACGTGCTTAAGGCAGGGCGAGCACGGAACAATGG  
1855 GGCCCTCAGCTGGAGCTGTGGACTTTGTACATACACTAAAATTCTGAAGTTAAAAAAA  
1915 AACCGAATTCAACCC

Mindestens 95% der Exemplare  
Exemplare mit variablem  
Exemplar im Mutanten

Figur 2A



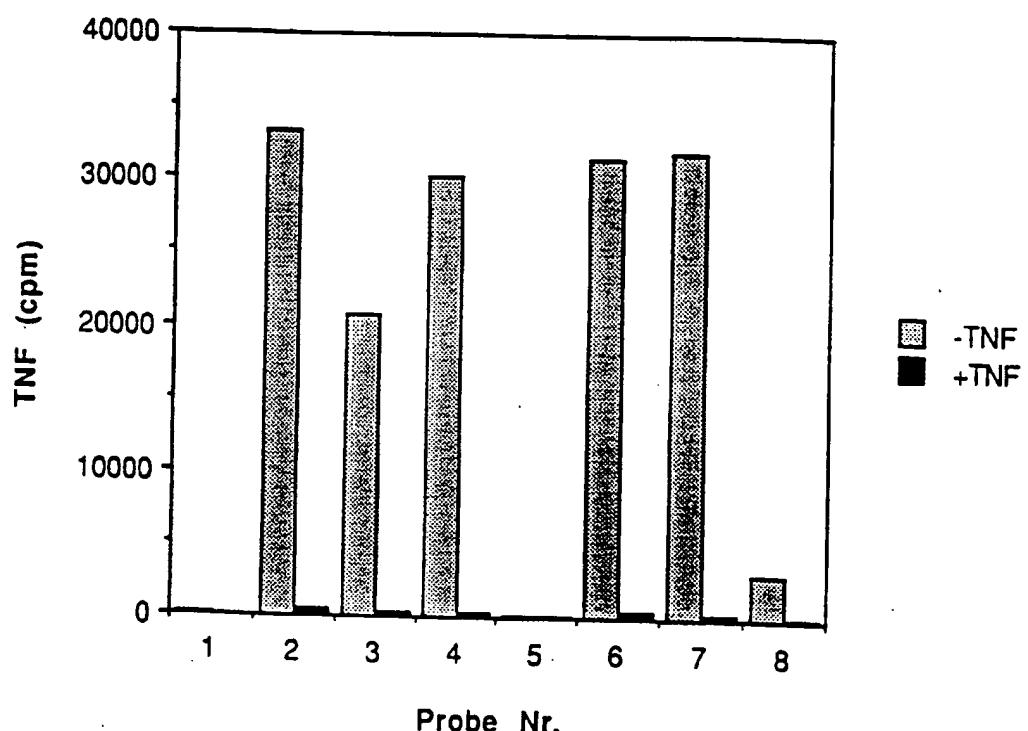
Figur 2B



M 31.08.90

Figur 3

Sandwich - Test



# 33801 C M

Figure 4

1 SerAspSerValCysAspSerCysGluAspSerThrTyrThrGlnLeuTrpAsnTrpVal  
1 TCGGACTCCGTGTGACTCCTGTGAGGACAGCACATACACCCAGCTCTGGAACTGGGTT  
  
21 ProGluCysLeuSerCysGlySerArgCysSerSerAspGlnValGluThrGlnAlaCys  
61 CCCGAGTGCTTGAGCTGTGGCTCCCGCTGTAGCTCTGACCAGGTGGAAACTCAAGCCTGC  
  
41 ThrArgGluGlnAsnArgLleCysThrCysArgProGlyTrpTyrCysAlaLeuSerLys  
121 ACTCGGGAACAGAACCGCATCTGCACCTGCAGGCCGGCTGGTACTGCGCGCTGAGCAAG  
  
61 GlnGluGlyCysArgLeuCysAlaProLeuProLysCysArgProGlyPheGlyValAla  
181 CAGGAGGGGTGCCGGCTGTGCGCGCCGCTGCCGAAAGTGCCGCCGGCTCGCGTGGCC  
  
81 ArgProGlyThrGluThrSerAspValValCysLysProCysAlaProGlyThrPheSer  
241 AGACCAGGAACATGAAACATCAGACGTGGTGTGCAARGCCCTGTGCCCCGGGACGTTCTCC  
  
101 AsnThrThrSerSerThrAspLleCysArgProHisGlnLleCysAsnValValAlaLle  
301 AACACGACTTCATCCACGGATATTGCAAGGCCAACCAGATCTGTAACGTGGTGGCCATC  
  
121 ProGlyAsnAlaSerArgAspAlaValCysThrSerThrSerProThrArgSerMetAla  
361 CCTGGGAATGCAAGCAGGGATGCAAGTCTGCACGTCCACGTCCCCAACCGGAGTATGGCC  
  
141 ProGlyAlaValHisLeuProGinProValSerThrArgSerGlnHisThrGlnProSer  
421 CCAGGGGCAGTACACTTACCCCAGCCAGTGTCCACACGATCCCACACACGCAGGCCAAGT  
  
161 ProGluProSerThrAlaProSerThrSerPheLeuLeuProMetGlyProSerProPro  
481 CCAGAACCCAGCACTGCTCCAAGCACCTCCTGCTCCCAATGGGCCAGCCCCCA  
  
181 AlaGluGlySerThrGlyAspPheAlaLeuProValGlyLeuLleValGlyValThrAla  
541 GCTGAAAGGGAGCAGTGGCGACTTCGCTCTCCAGTTGGACTGATTGTGGGTGTGACAGCC  
  
201 LeuGlyLeuLeuLleGlyValValAsnCysValLleMetThrGlnValLysLysLys  
601 TTGGGTCTACTAATAATAGGAGTGGTGAACGTGTCACTCATGACCCAGGTGAAAAAGAAG  
  
221 ProLeuCysLeuGlnArgGluAlaLysValProHisLeuProAlaAspLysAlaArgGly  
661 CCCTTGTGCCCTGCAGAGAGAGCCAGGTGCCTCAGTGCCTGCCGATAAGGCCGGGGT  
  
241 ThrGlnGlyProGluGlnGinHisLeuLeuLleThrAlaProSerSerSerSerSer  
721 ACACAGGGCCCCGAGCAGCAGCACCTGCATCACAGCGCCGAGCTCCAGCAGCAGCTCC  
  
261 LeuGluSerSerAlaSerAlaLeuAspArgArgAlaProThrArgAsnGlnProGinAla  
781 CTGGAGAGCTCGGCCAGTGCCTGGACAGAAGGGGCCACTCGAACGCCACAGGCA

M 31.06.80 00

Figur 4. (Fortsetzung)

281 ProGlyValGluAlaSerGlyAlaGlyGluAlaArgAlaSerThrGlySerSerAlaAsp  
841 CCAGGCCTGGAGGCCAGTGGGGCCGGGGAGGCCAGCACCGGGAGCTCAGCAGAT  
  
301 SerSerProGlyGlyHisGlyThrGlnValAsnValThrCysIleValAsnValCysSer  
901 TCTTCCCCTGGTGGCCATGGGACCCAGGTCAATGTCACCTGCATCGTGAACGTCTGTAGC  
  
321 SerSerAspHisSerSerGlnCysSerSerGlnAlaSerSerThrMetGlyAspThrAsp  
961 AGCTCTGACCACAGCTCACAGTGCTCCTCCCAGCAGCTCCACAAATGGGAGACACAGAT  
  
341 SerSerProSerGluSerProLysAspGluGlnValProPheSerLysGluGluCysAla  
1021 TCCAGCCCCCTCGGAGTCCCCGAGGGACGAGCAGGTCCCCCTCTCCAGGGAGGAATGTGCC  
  
361 PheArgSerGlnLeuGluThrProGluThrLeuLeuGlySerThrGluGluLysProLeu  
1081 TTTGGTCACAGCTGGAGACGCCAGAGACCCCTGCTGGGAGACCCGAAGAGAAGCCCCCTG  
  
381 ProLeuGlyValProAspAlaGlyMetLysProSer  
1141 CCCCTTGGAGTGCCTGATGCTGGGATGAAAGCCCCAGTTAACCGGGCCGGTGTGGGCTGTGT  
1201 CGTAGCCCTGGCTGAGCCCTGGCAGGGATGACCCCTGCGAAGGGCCCTGGTCTTCCA  
1261 GGCCCCCCTCCACTAGGACTCTGAGGCCTTCTGGCCAGTTCTAGTGCCTCCAC  
1321 AGCCGCAGCCTCCCTCTGACCTGCAAGGCCAGAGCAGAGGAGCAGGAGTTGTGGAAAGCCT  
1381 CTGCTGCCATGGCGTGTCCCTCTCGGAAGGCTGGCTGGCATGGACGTTGGGGCATGCT  
1441 GGGGCAAGTCCCTGAGTCCTGTGACCTGCCCCGCCCAGCTGCACCTGCCCCCTGGCTT  
1501 CTGGAGCCCTGGGTTTTTGTGTTGTTGTTGTTGTTCTCCCCCTGGG  
1561 TCTGCCCTGCTCTGGCTTCCAGAAAAACCCAGCATTCTGCAAGGGGGCTTCTGG  
1621 AGAGGAGGGATGCTGCCTGAGTCACCCATGAAGACAGGACAGTGCTTCAGCCTGAGGCTG  
1681 AGACTGCGGGATGGTCTGGGCTCTGCAAGGGAGGGAGGTGGCAGCCCTGTAGGGAAACG  
1741 GGGTCTTCAGTTAGCTCAGGAGGCTGGAAAGCATTACCTCAGGCCAGGTGCAGTGGC  
1801 TCACGCCCTATGATCCCAGCATTGGGAGGCTGAGGCAGGGTGGATCACCTGAGGTTAGGA  
1861 GTTCGAGACCCAGCTGGCCACATGGTAAAACCCATCTCTACTAAAATAACAGAAATT  
1921 GCCGGGCGTGGTGGCGGGCACCTATAGTCCCAGCTACTCAGAAGCCTGAGGCTGGGAAAT  
1981 CGTTTGAACCCCCGGARGCGGGAGGTTGCAGGGAGGCCAGATCACGCCACTGCACTCCAGCC  
2041 TGGGCAGAGAGCAGAGTCTGTCACCTGAGGAAAGCAGCCCTCCAAATGCT  
2101 AACCTGTCTTTGTACCATGGTGTGAAAGTCAGATGCCAGAGGGCCAGGCAGGCCAC  
2161 CATATTCACTGCTGTGGCCTGGGCAAGATAACGCACTTCTRACTAGAAATCTGCCATT  
2221 TTAAAAAAAGTAAGTACCACTCAGGCCACAGGCCACGACAAAGCCAAACTCTGCCAGC  
2281 CACATCCACCCCCCACCTGCCATTGCAACCTCCGCCTTCACTCCGGTGTGCCAGC

**This Page Blank (uspto)**